

(12) DEMANDE INTERNATIONALE PUBLIÉE EN VERTU DU TRAITÉ DE COOPÉRATION  
EN MATIÈRE DE BREVETS (PCT)

(19) Organisation Mondiale de la Propriété  
Intellectuelle  
Bureau international



(43) Date de la publication internationale  
14 juillet 2005 (14.07.2005)

PCT

(10) Numéro de publication internationale  
**WO 2005/064014 A1**

(51) Classification internationale des brevets<sup>7</sup> : C12Q 1/68,  
G01N 33/53

(21) Numéro de la demande internationale :  
PCT/FR2004/003373

(22) Date de dépôt international :  
23 décembre 2004 (23.12.2004)

(25) Langue de dépôt : français

(26) Langue de publication : français

(30) Données relatives à la priorité :  
0315273 23 décembre 2003 (23.12.2003) FR

(71) Déposant (pour tous les États désignés sauf US) : GENFIT  
[FR/FR]; Parc Eurosanité, Lille Métropole, 885, avenue Eu-  
gène Avinée, F-59120 Loos (FR).

(72) Inventeur; et

(75) Inventeur/Déposant (pour US seulement) : STAELS,  
Bart [BE/BE]; 22, rue de la Houille, B-7850 Petit Enghien  
(BE).

(74) Mandataires : TEZIER HERMAN, Béatrice etc.;  
Becker et Associés, 25 Rue Louis Le Grand, F-75002 Paris  
(FR).

(81) États désignés (sauf indication contraire, pour tout titre de  
protection nationale disponible) : AE, AG, AL, AM, AT,

AU, AZ, BA, BB, BG, BR, BW, BY, BZ, CA, CH, CN, CO,  
CR, CU, CZ, DE, DK, DM, DZ, EC, EE, EG, ES, FI, GB,  
GD, GE, GH, GM, HR, HU, ID, IL, IN, IS, JP, KE, KG,  
KP, KR, KZ, LC, LK, LR, LS, LT, LU, LV, MA, MD, MG,  
MK, MN, MW, MX, MZ, NA, NI, NO, NZ, OM, PG, PH,  
PL, PT, RO, RU, SC, SD, SE, SG, SK, SL, SY, TJ, TM, TN,  
TR, TT, TZ, UA, UG, US, UZ, VC, VN, YU, ZA, ZM, ZW.

(84) États désignés (sauf indication contraire, pour tout titre  
de protection régionale disponible) : ARIPO (BW, GH,  
GM, KE, LS, MW, MZ, NA, SD, SL, SZ, TZ, UG, ZM,  
ZW), eurasien (AM, AZ, BY, KG, KZ, MD, RU, TJ, TM),  
européen (AT, BE, BG, CH, CY, CZ, DE, DK, EE, ES, FI,  
FR, GB, GR, HU, IE, IS, IT, LT, LU, MC, NL, PL, PT, RO,  
SE, SI, SK, TR), OAPI (BF, BJ, CF, CG, CI, CM, GA, GN,  
GQ, GW, ML, MR, NE, SN, TD, TG).

**Déclaration en vertu de la règle 4.17 :**

— relative à la qualité d'inventeur (règle 4.17.iv)) pour US  
seulement

**Publiée :**

— avec rapport de recherche internationale  
— avant l'expiration du délai prévu pour la modification des  
revendications, sera republiée si des modifications sont re-  
çues

En ce qui concerne les codes à deux lettres et autres abrégia-  
tions, se référer aux "Notes explicatives relatives aux codes et  
abréviations" figurant au début de chaque numéro ordinaire de  
la Gazette du PCT.

(54) Title: METHOD FOR THE IDENTIFICATION OF COMPOUNDS MODULATING REVERSE TRANSPORT OF CHOLESTEROL

(54) Titre : PROCEDE POUR IDENTIFIER DES COMPOSES MODULANT LE TRANSPORT INVERSE DU CHOLESTEROL

(57) Abstract: The invention relates to methods and compounds which can modulate the reverse transport of cholesterol in a mam-  
mal and to screening methods enabling the selection, identification and/or characterization of compounds which can modulate the  
reverse transport of cholesterol. The invention also relates to cells, vectors and genetic constructions which can be used to implement  
said methods, in addition to pharmaceutical compounds used for the treatment of atherosclerosis. The methods of the invention are  
based on the use of elements responding to LRH-1 derivative response element derived from the apo AI gene promoter.

(57) Abrégé : La présente invention concerne des méthodes et composés susceptibles de moduler le transport inverse du cholestérol  
chez un mammifère ainsi que des méthodes de criblage permettant de sélectionner, d'identifier et/ou de caractériser des composés  
capables de moduler le transport inverse du cholestérol. Elle concerne également des cellules, vecteurs et constructions génétiques  
utilisables pour la mise en oeuvre de ces méthodes, ainsi que des compositions pharmaceutiques destinées au traitement de l'athéro-  
sclérose. Les méthodes de l'invention sont basées sur l'utilisation d'éléments de réponse à LRH-1 dérivés du promoteur du gène apo  
AI.



WO 2005/064014 A1

**PROCEDE POUR IDENTIFIER DES COMPOSES MODULANT**  
**LE TRANSPORT INVERSE DU CHOLESTEROL**

La présente invention concerne des méthodes et composés susceptibles de moduler le transport inverse du cholestérol chez un mammifère ainsi que des méthodes de criblage permettant de sélectionner, d'identifier et/ou de caractériser des composés capables de moduler le transport inverse du cholestérol. Elle concerne également des cellules, vecteurs et constructions génétiques utilisables pour la mise en œuvre de ces méthodes, ainsi que des compositions pharmaceutiques destinées au traitement de l'athérosclérose.

L'athérosclérose est une cause majeure de morbidité, de mortalité, d'infarctus du myocarde, d'ischémie cérébrale, de maladies cardiovasculaires et de la vascularisation périphérique. L'hypercholestérolémie et la surcharge en cholestérol des macrophages, impliquées dans l'inflammation vasculaire, sont des facteurs majeurs qui contribuent à l'athérosclérose. L'hypercholestérolémie est actuellement traitée grâce à la combinaison d'un régime alimentaire et d'une intervention médicamenteuse avec, par exemple les statines ou des agents séquestrant les acides biliaires. Le développement de nouvelles stratégies thérapeutiques est cependant nécessaire pour pallier aux limites des thérapies existantes.

Le transport inverse du cholestérol, mis en œuvre par les HDL (« High Density Lipoproteins » ou Lipoprotéines de Haute Densité), permet de décharger le cholestérol qui s'accumule dans les tissus périphériques et assure son élimination métabolique via le foie. Il contribue ainsi à la protection de l'organisme contre l'athérosclérose. L'apolipoprotéine A-I (apo AI) est un constituant fondamental des HDL, responsable de leur efficacité. A cet égard, l'augmentation de l'expression de l'apo AI a un effet protecteur contre l'athérosclérose. L'expression de l'apo AI est régulée par des hormones ou des agents thérapeutiques tels que les fibrates. Le rôle crucial des récepteurs nucléaires tels que HNF4, PPAR $\alpha$  ou ROR $\alpha$  dans le contrôle de la transcription du gène apo AI a été démontré. PPAR $\alpha$  est notamment

responsable de l'augmentation de l'expression de l'apo AI par les fibrates observée chez l'homme et utilisée en clinique humaine pour le traitement des dyslipidémies. L'identification de nouvelles voies de signalisation intracellulaire impliquées dans le contrôle de l'expression de l'apo AI permettrait donc de définir de nouvelles stratégies thérapeutiques susceptibles d'augmenter l'efficacité du transport inverse du cholestérol et donc de protéger contre l'athérosclérose.

Les récepteurs nucléaires aux hormones forment une grande famille de facteurs de transcription dont l'activité est modulable par des ligands naturels et/ou artificiels. Ces facteurs de transcription contrôlent l'expression de leurs gènes-cibles en se liant généralement à des éléments de réponse spécifiques agissant en cis et en recrutant des protéines accessoires nécessaires à l'activation de la machinerie transcriptionnelle.

Le récepteur nucléaire LRH-1 (Liver Receptor Homolog-1), également connu sous les noms NR5A2, CPF, hB1F, PHR ou FTF est un récepteur orphelin pour lequel aucun ligand n'a été identifié [1]. LRH-1 est un homologue du récepteur FTZ-F1 de drosophile dont le paralogue chez l'homme est le récepteur SF-1. Au moins deux isoformes, issues probablement d'une utilisation alternative de certains sites de polyadénylation, ont été identifiées [2]. L'expression de LRH-1 est confinée au foie, au pancréas exocrine et à l'intestin ainsi qu'aux ovaires [3] et aux pré-adipocytes. LRH-1 est exprimé précocement lors de l'embryogenèse [4, 5].

LRH-1 ne forme pas d'hétérodimère avec RXR mais se lie, en tant que monomère, sur un élément de réponse de l'ADN de séquence YCAGGGYCR dans laquelle Y= T ou C, R= G ou A. Plusieurs gènes cibles ont été identifiés dans le contrôle de la synthèse ou du transport [6] des acides biliaires, du métabolisme des stéroïdes [3] et des lipoprotéines [7, 8] ainsi que dans le contrôle de la transcription ou du développement. LRH-1 semble également impliqué dans le développement de l'endoderme [1].

La présente invention est fondée sur l'observation du rôle de LRH-1 dans l'expression du gène humain codant pour l'apolipoprotéine AI (apo AI) ainsi que sur l'interaction directe qui se produit entre LRH-1 et un fragment du promoteur de ce

gène. Elle est fondée également sur l'observation originale d'une stimulation de l'activité du promoteur de l'apo AI humain par la sur-expression de LRH-1. Elle se fonde également sur l'identification d'un élément de réponse fonctionnel à LRH-1 à la jonction des régions B et C du promoteur du gène de l'apo AI humaine (définies  
5 selon [16]) et la caractérisation de sa séquence.

La présente invention démontre ainsi pour la première fois une modulation de la production de l'apo AI par le récepteur nucléaire LRH-1. La présente invention fournit ainsi de nouvelles cibles et de nouvelles approches pour la recherche de  
10 composés capables de réguler l'expression de cette protéine, l'activité des HDL ou le transport inverse du cholestérol.

L'invention fournit également des méthodes pour accroître le transport inverse du cholestérol basées sur l'utilisation de composés qui modulent la liaison de LRH-1 au promoteur de l'apo AI et/ou l'effet de celui-ci sur la transcription du gène humain de  
15 l'apo AI.

L'invention fournit aussi des méthodes de criblage destinées à sélectionner, identifier ou caractériser des substances thérapeutiques capables de moduler l'expression du gène humain de l'apo AI et/ou l'activité des HDL et/ou le transport inverse du  
20 cholestérol.

Selon un mode de réalisation particulier, les méthodes de criblage selon l'invention incluent plus particulièrement les étapes suivantes :

- 25 - la mise en contact d'un ou de plusieurs composés avec une construction d'acide nucléique comprenant au moins un élément de réponse à LRH-1 du promoteur du gène humain de l'apo AI ou un variant fonctionnel de celui-ci,
- la détermination de la liaison éventuelle desdits composés sur le ou les élément(s) de réponse, et
- 30 - éventuellement la comparaison de la mesure précédente avec une mesure réalisée dans les mêmes conditions mais avec une construction d'acide nucléique comprenant au moins une copie mutée d'un élément de réponse à

LRH-1 du promoteur de l'apo AI humaine.

Généralement, ladite mise en contact est réalisée dans des conditions susceptibles de permettre auxdits composés de se fixer sur ledit élément de réponse.

5

Préférentiellement, la méthode selon l'invention comprend :

- 10 - la mise en contact d'un composé test avec une construction d'acide nucléique comprenant, comme unique élément de réponse à LRH-1, au moins une copie de l'élément de réponse à LRH-1 du promoteur du gène humain de l'apolipoprotéine AI constitué de la séquence (SEQ ID NO : 1) suivante : 5'-CTGATCCTTGAAC-3', et
- la détermination de la liaison éventuelle dudit composé test sur l'élément de réponse, et
- 15 - éventuellement, la comparaison de la mesure précédente avec une mesure réalisée dans les mêmes conditions mais avec une construction d'acide nucléique comprenant au moins une copie mutée d'un élément de réponse à LRH-1 du promoteur de l'apo AI humaine.

- 20 Selon une forme particulière de réalisation du procédé de l'invention, les conditions susceptibles de permettre aux dits composés de se fixer sur le ou lesdits élément(s) de réponse à LRH-1 comprennent la présence du récepteur LRH-1, en général exogène, (par exemple sous forme de monomère) ou d'un équivalent fonctionnel, et la détermination de la liaison éventuelle dudit composé test sur l'élément de réponse
- 25 à LRH-1 et/ou sur le complexe formé par la liaison de LRH-1 à son élément de réponse.

- 30 Selon un autre mode de réalisation particulier (test d'activité transcriptionnelle), on mesure l'effet d'un ou de plusieurs composés tests, éventuellement en présence du récepteur LRH-1 exogène ou d'un équivalent fonctionnel de celui ci, sur l'activité transcriptionnelle d'un promoteur comprenant au moins un élément de réponse à LRH-1 selon l'invention. Un tel test est préférentiellement réalisé en système

cellulaire, par détermination de l'expression d'un gène rapporteur placé sous le contrôle d'un tel promoteur, notamment dans une cellule comprenant du LRH-1 exogène ou un équivalent de celui-ci et/ou comprenant un ligand de LRH-1 ou un équivalent fonctionnel de celui-ci. Selon un autre mode de réalisation, le test est  
5 réalisé dans une cellule comprenant (e.g., exprimant, de manière naturelle ou recombinante) le récepteur LRH-1 ou un équivalent fonctionnel de celui-ci.

Une forme préférée de mise en œuvre de l'invention consiste à utiliser, éventuellement en présence de LRH-1 exogène ou d'un équivalent de celui-ci, une  
10 cassette d'expression combinant un ou plusieurs éléments de réponse à LRH-1, selon l'invention, avec un gène rapporteur. Avantageusement, ledit gène rapporteur est placé sous le contrôle d'un promoteur comprenant au moins une copie du ou desdits éléments de réponse, par exemple, le promoteur de l'apo AI ou des variants ou fragments de celui-ci. Tout gène connu de l'homme du métier dont l'activité ou la  
15 présence dans des extraits biologiques est facilement mesurable peut être utilisé comme gène rapporteur pour la mise en œuvre du procédé de criblage.

Selon une forme particulière de réalisation de l'invention, la méthode de criblage comprend les étapes de :

- 20 - mise en contact d'un composé test avec une cellule hôte comprenant une cassette d'expression d'un gène rapporteur, ladite cassette comprenant un gène rapporteur placé sous le contrôle d'un promoteur comprenant, comme unique élément de réponse à LRH-1, au moins une copie de l'élément de réponse à LRH-1 du promoteur du gène humain de l'apolipoprotéine AI  
25 constitué de la séquence (SEQ ID NO : 1) suivante : 5'-CTGATCCTTGAAC-3', et
  - détermination de l'effet de la présence du composé test sur la liaison de LRH-1 à l'élément de réponse ou sur l'expression du gène rapporteur.
- 30 Préférentiellement, la cellule hôte comprend un récepteur LRH-1 exogène ou un équivalent fonctionnel de ce dernier et/ou un ligand de LRH-1 ou un équivalent fonctionnel de ce dernier.

Selon un autre mode de réalisation particulier de l'invention, la méthode comprend la détermination du niveau d'expression du gène rapporteur en présence du composé test et en l'absence dudit composé, une augmentation ou une diminution du niveau d'expression du gène rapporteur signalant l'aptitude du composé test à moduler le transport inverse du cholestérol.

Les composés susceptibles d'être identifiés par le procédé de l'invention peuvent être des composés de nature, structure et origine variées, notamment des composés biologiques, des facteurs nucléaires, des cofacteurs, des composés chimiques, synthétiques, etc., capables de modifier l'activité de LRH-1. Il peut s'agir également de banques, notamment de banques combinatoires, de chimiothèques ou, de banques de protéines, peptides ou acides nucléiques, par exemple de clones codant une ou plusieurs protéines, peptides ou polypeptides liant l'ADN.

Les méthodes selon l'invention peuvent être utilisées pour sélectionner, identifier ou caractériser des composés capables de modifier la liaison de LRH-1 et/ou des ses cofacteurs à l'un et/ou l'autre de ses élément(s) de réponse et/ou de moduler (i.e. augmenter ou diminuer) l'expression du gène codant pour l'apo AI humaine et ainsi l'expression de l'apo AI humaine et/ou de moduler l'activité des HDL et/ou de moduler le transport inverse du cholestérol.

L'invention décrit encore l'utilisation des composés ainsi sélectionnés, dans la préparation d'une composition destinée à moduler le transport inverse du cholestérol ou l'activité des HDL, ainsi que les méthodes de traitement correspondantes.

Dans le but de faciliter la compréhension de la présente demande, les définitions suivantes sont fournies, qui précisent ou complètent leur signification habituelle.

"Apolipoprotéine AI" ou apo AI: L'apolipoprotéine AI est une protéine de 243 acides aminés qui contient une extrémité amino-terminale globulaire et une extrémité carboxy-terminale qui est capable de se lier aux lipides [9]. Cette protéine

est un constituant majeur des lipoprotéines de haute densité et joue un rôle fondamental dans le transport inverse du cholestérol [10, 11]. Le gène, l'ADNc et l'ARNm de l'apo AI ont été clonés et séquencés [12-14], et sont accessibles sur les banques de données Genbank® (par exemple sur Internet à l'adresse :  
5 <http://www.ncbi.nlm.nih.gov>) sous les numéros d'accès : NM\_000039, M20656 (Promoteur) et J00098.

“High Density Lipoprotein (HDL)” : Les particules HDL sont des lipoprotéines de haute densité (1,063-1,21g/ml) réputées pour avoir un rôle protecteur contre  
10 l'athérosclérose principalement du fait de leur capacité à extraire le cholestérol des cellules périphériques et à promouvoir son retour vers le foie où il est éliminé [10]. L'apo AI est le constituant protéique majeur des HDL, représentant jusqu'à 70% des protéines. Elles comportent également de l'apo AII, de l'apo CI, de l'apo CII, de l'apo CIII et de l'apo E en plus faible proportion.

15 “LRH-1” : Le récepteur LRH-1 a été isolé, caractérisé et séquencé chez l'homme et chez le rat. La séquence de l'ARNm est disponible également sur les banques de données Genbank®, sous les numéros d'accès NM\_003822, NM\_030676 et NM\_021742 pour l'homme, la souris et le rat, respectivement. La région de LRH-1  
20 impliquée dans la liaison à l'ADN (« DNA Binding Domain ») est principalement comprise entre les résidus Glu38-Asp113 de la protéine humaine (correspondant à 319-546 dans NM\_003822) ou entre les résidus Glu105-Asp180 de la protéine de souris.

25 L'expression « équivalent fonctionnel » qui fait référence au récepteur LRH-1, désigne tout polypeptide dérivé de la structure du récepteur LRH-1 et conservant la capacité de liaison à l'élément de réponse notamment tout élément de réponse de séquence SEQ ID NO : 1 ou des variants fonctionnels de celle-ci. Les équivalents fonctionnels peuvent être des variants naturels (polymorphisme, épissage, etc.), des  
30 fragments, mutants, délétants, etc. Préférentiellement, il s'agit de polypeptides comprenant au moins une région d'acides aminés identique à 60% au moins à celle du récepteur LRH-1, de manière préférentielle à 75% au moins et de manière encore



plus préférentielle à 90-95% au moins. L'expression inclut également les fragments du récepteur LRH-1, notamment les fragments contenant le site de liaison à l'ADN du récepteur LRH-1.

- 5 Le terme "transport inverse" est employé pour désigner le mécanisme physiologique, parfois défaillant, par lequel le cholestérol en excès dans les tissus périphériques est pris en charge par des lipoprotéines de haute densité, les HDL (High Density Lipoprotein), puis transporté vers le foie pour être éliminé.

10 **A. Identification d'un élément de réponse à LRH-1.**

La présente invention démontre l'implication et le mécanisme d'action de LRH-1 dans la régulation de l'expression de l'apo AI et, ce faisant, dans la régulation du transport inverse du cholestérol. La sur-expression de LRH-1 se traduit par une  
15 augmentation de l'activité du promoteur de l'apo AI. L'invention révèle, par ailleurs, la séquence précise de l'élément de réponse à LRH-1, au sein du promoteur du gène codant pour l'apo AI humaine.

L'invention porte également sur des constructions particulières, notamment des acides nucléiques comprenant des éléments de réponse à LRH-1, ainsi que des  
20 cassettes, vecteurs et cellules recombinantes les contenant.

Ainsi l'invention fournit la séquence (SEQ ID NO : 1) de l'élément de réponse à LRH-1, identifié initialement au sein du promoteur du gène humain de l'apo AI, responsable d'une interaction entre LRH-1 et le promoteur apo AI et de la régulation  
25 par LRH-1 de l'expression de l'apo AI.

3 régions fonctionnelles différentes ont été identifiées au sein du promoteur de l'apo AI [15]. Dans le document présent, les régions fonctionnelles du promoteur du gène de l'apolipoprotéine A-I sont nommées A, B et C selon la nomenclature définie  
30 précédemment [16].

Ainsi, la présence des régions B et C (SEQ ID NO : 3 et 4) provoque une

augmentation par LRH-1 de l'expression d'un gène rapporteur (cf. : exemples 1, 2, 5 et 6).

Un objet particulier de l'invention réside dans un acide nucléique comprenant la séquence SEQ ID NO : 1 suivante :

- 5 5'-CTGATCCTTGAAC-3', ou un variant fonctionnel de celle-ci (« élément de réponse LRH-1 »).

Un autre objet de l'invention réside dans une construction d'acide nucléique comprenant un élément de réponse LRH-1 tel que défini ci-dessus. Il peut s'agir notamment d'une cassette d'expression comprenant au moins une copie d'un  
10 élément de réponse tel que défini ci-avant.

L'invention a également pour objet une cassette d'expression comprenant au moins une copie du fragment d'acide nucléique comprenant ou de préférence caractérisé par la séquence SEQ ID NO : 1 suivante :  
15 5'-CTGATCCTTGAAC-3', ou un variant fonctionnel de celle-ci, et un promoteur, choisi parmi le promoteur immédiat du CMV et le promoteur PGK, associé à un gène rapporteur placé sous le contrôle dudit promoteur.

Une telle cassette d'expression peut notamment être utilisée pour le criblage in vitro de composés capables de moduler l'activité des HDL.

L'invention concerne encore tout promoteur artificiel ou chimérique comprenant un  
20 élément de réponse à LRH-1 tel que défini ci-avant.

Les variants fonctionnels de l'élément de réponse selon l'invention, peuvent être tout dérivé ou fragment de la séquence native conservant la capacité de lier le récepteur LRH-1. Généralement, les variants conservent au moins 50% des résidus de la séquence native décrite dans la présente demande. Classiquement, les variants  
25 possèdent des modifications affectant moins de 5 nucléotides dans la séquence considérée. Préférentiellement, il s'agit d'une séquence identique à 60% au moins, de manière préférentielle à 75% au moins et de manière encore plus préférentielle à 90% au moins à la séquence native décrite dans la présente demande.

Les variants peuvent comporter différents types de modifications tels qu'une ou  
30 plusieurs mutations ponctuelles ou non, additions, délétions et/ou substitutions.

Ces modifications peuvent être introduites par les méthodes classiques physiques, chimiques ou de la biologie moléculaire, telles que notamment la mutagenèse dirigée

ou, plus pratiquement, par synthèse artificielle de la séquence dans un synthétiseur.

Les variants peuvent être testés pour leur capacité de liaison à LRH-1 de différentes façons, et notamment :

5

(i) par mise en contact de la séquence test avec le récepteur LRH-1 (par exemple dans un test acellulaire), et détection de la formation d'un complexe (par exemple par retard de migration sur gel) ;

10 (ii) par insertion de la séquence test dans une cassette d'expression comprenant un promoteur minimal et un gène rapporteur, introduction de la cassette dans une cellule, et détection (le cas échéant dosage) de l'expression du gène rapporteur en présence et en l'absence de LRH-1 ;

15 (iii) par toute autre technique connue de l'homme du métier, permettant de mettre en évidence l'interaction entre un acide nucléique et une protéine, par exemple.

L'invention a encore pour objet des variants inactifs des éléments de réponse définis ci-dessus, notamment des variants essentiellement incapables de lier le récepteur LRH-1. Des exemples de tels variants sont notamment la séquence SEQ ID NO : 2.

20 Ces variants inactifs peuvent être préparés et testés dans les conditions décrites ci-dessus pour les variants fonctionnels.

Les variants selon l'invention possèdent avantageusement la capacité d'hybrider avec la séquence SEQ ID NO : 1 ou une partie de celle-ci.

25 **B. Méthodes de sélection, d'identification et de caractérisation de composés qui modulent le transport inverse du cholestérol.**

L'invention décrit des méthodes d'identification de composés qui modulent (i.e., augmentent ou diminuent) le transport inverse du cholestérol. Ces composés peuvent  
30 agir en altérant la liaison de LRH-1 à son ou ses ligands ou à son ou ses corépresseurs et coactivateurs, etc.. Ils peuvent encore modifier, voir supprimer, la liaison de LRH-1 seul ou de LRH-1 et de ses cofacteurs, à son ou ses élément(s) de

réponse et ainsi modifier l'expression du gène humain de l'apo AI. La fixation de LRH-1 à l'élément de réponse présent à la jonction des régions B et C du promoteur de l'apo AI (SEQ ID NO: 3 et 4) augmente ainsi la transcription du gène humain de l'apo AI et stimule le transport inverse du cholestérol. L'utilisation de composés capables d'augmenter la fixation de LRH-1 à cet élément de réponse, où LRH-1 joue le rôle d'activateur permet donc d'augmenter la transcription du gène humain de l'apo AI et de stimuler le transport inverse du cholestérol.

La présente invention décrit ainsi de nouvelles méthodes pour la sélection, l'identification ou la caractérisation de composés capables d'augmenter le transport inverse du cholestérol.

### 1. Méthodes basées sur un criblage d'expression.

La présente invention concerne une méthode pour la sélection, l'identification ou la caractérisation de composés capables de moduler le transport inverse du cholestérol, qui comprend :

(i) la mise en contact d'un composé test avec une cellule hôte comprenant une cassette d'expression d'un gène rapporteur, ladite cassette comprenant un gène rapporteur placé sous le contrôle d'un promoteur contenant au moins une copie d'un élément de réponse à LRH-1 du promoteur du gène humain de l'apo AI ou d'un variant fonctionnel de celui-ci, et

(ii) la détermination de l'expression du gène rapporteur.

Préférentiellement, la méthode selon l'invention comprend :

(i) la mise en contact d'un composé test avec une cellule hôte comprenant une cassette d'expression d'un gène rapporteur, ladite cassette comprenant un gène rapporteur placé sous le contrôle d'un promoteur comprenant, comme unique élément de réponse à LRH-1, au moins une copie de l'élément de réponse à LRH-1 du promoteur du gène humain de l'apolipoprotéine AI constitué de la séquence (SEQ ID NO : 1) suivante : 5'-CTGATCCTTGAAC-3', et

(ii) la détermination de l'effet de la présence du composé test sur la liaison de LRH-1 à l'élément de réponse ou sur l'expression du gène rapporteur.

La présente invention concerne par ailleurs une méthode pour la sélection,  
5 l'identification ou la caractérisation de composés capables de moduler le transport inverse du cholestérol, qui comprend :

- 10 (i) la mise en contact, en présence du récepteur LRH-1 exogène ou d'un équivalent fonctionnel de celui ci, d'un composé test avec une cellule hôte comprenant une cassette d'expression d'un gène rapporteur, ladite cassette comprenant un gène rapporteur placé sous le contrôle d'un promoteur contenant au moins une copie d'un élément de réponse à LRH-1 du promoteur du gène humain de l'apo AI ou d'un variant fonctionnel de celui-ci, et
- 15 (ii) la détermination de l'effet de la présence du composé test sur la liaison de LRH-1 à l'élément de réponse ou sur l'expression du gène rapporteur.

Encore plus préférentiellement, la méthode selon l'invention comprend :

- 20 (i) la mise en contact, en présence du récepteur LRH-1 exogène ou d'un équivalent fonctionnel de celui ci, d'un composé test avec une cellule hôte comprenant une cassette d'expression d'un gène rapporteur, ladite cassette comprenant un gène rapporteur placé sous le contrôle d'un promoteur comprenant, comme unique élément de réponse à LRH-1, au moins une copie de l'élément de réponse à LRH-1 du promoteur du gène humain de
- 25 l'apolipoprotéine AI constitué de la séquence (SEQ ID NO : 1) suivante : 5'-CTGATCCTTGAAC-3', et
- (ii) la détermination de l'effet de la présence du composé test sur la liaison de LRH-1 à l'élément de réponse ou sur l'expression du gène rapporteur.

30 Les méthodes selon l'invention, prévoient plus spécifiquement la mise en contact d'un composé test avec une construction d'acide nucléique ou une cassette d'expression comprenant au moins une copie d'un élément de réponse à LRH-1

(SEQ ID NO : 1).

Un objet particulier de l'invention concerne une cassette d'expression comprenant au moins une copie du fragment d'acide nucléique SEQ ID NO : 1, et un promoteur associé à un gène rapporteur placé sous le contrôle dudit promoteur.

Un autre objet particulier de l'invention concerne une cassette d'expression comprenant au moins une copie mutée du fragment d'acide nucléique SEQ ID NO : 1, et un promoteur associé à un gène rapporteur placé sous le contrôle dudit promoteur.

Selon un mode d'exécution particulier des méthodes de l'invention, il est en outre prévu de comparer les effets éventuels, déterminés grâce à l'une de ces méthodes avec ceux, éventuels, déterminés grâce à une méthode réalisée dans les mêmes conditions mais avec une construction d'acide nucléique comprenant au moins un variant inactif (par exemple, une copie mutée) d'un élément de réponse à LRH-1 du promoteur du gène codant pour l'apo AI humain (SEQ ID NO : 2) ou d'un variant fonctionnel de ce dernier.

Selon un autre mode d'exécution particulier des méthodes de l'invention, la cellule hôte comprend un ligand de LRH-1 ou un équivalent fonctionnel de celui-ci.

Les procédés de l'invention peuvent être mis en œuvre avec différents types de cellules, de promoteurs, de gènes rapporteurs, et dans différentes conditions, comme il est décrit ci-après.

#### **a) Mise en contact des composés avec la cellule hôte**

Certaines méthodes de criblage, décrites par l'invention, prévoient une étape de mise en contact du composé test, éventuellement en présence du récepteur LRH-1 exogène ou d'un équivalent fonctionnel de celui ci, avec des cellules hôtes, dans des conditions particulières qui permettent de déterminer l'expression dans lesdites cellules d'un gène rapporteur et d'obtenir ainsi une information concernant l'effet du

composé test.

Préférentiellement, Le récepteur LRH-1 est introduit ou ajouté artificiellement de manière à avoir au moins 2 fois la quantité de LRH-1 endogène. Il peut s'agir d'un équivalent de LRH-1 à savoir toute séquence d'acides aminés identique à 60% au moins à celle du récepteur LRH-1, de manière préférentielle à 75% au moins et de manière encore plus préférentielle à 90-95% au moins.

Classiquement, l'effet du composé test est comparé au niveau d'expression du gène rapporteur déterminé en l'absence dudit composé (et/ou avec un élément de réponse muté).

Les méthodes selon l'invention comprennent, selon un mode particulier de réalisation, la détermination du niveau d'expression du gène rapporteur en présence du composé test et en l'absence dudit composé, une augmentation ou une diminution du niveau d'expression du gène rapporteur signalant l'aptitude du composé test à moduler le transport inverse du cholestérol.

Ces cellules, dans un mode préféré de l'invention, peuvent être des cellules de mammifères (hépatocytes, fibroblastes, cellules endothéliales, musculaires, etc.). De manière encore plus préférée, ces cellules peuvent être des cellules humaines. Il peut également s'agir de cultures primaires ou de lignées établies. Dans un autre mode de mise en oeuvre, il est possible également d'utiliser des cellules procaryotes (bactéries), des cellules de levure (*Saccharomyces*, *Kluyveromyces*, etc.), des cellules végétales, etc.

Les composés peuvent être mis au contact des cellules à différents moments, selon leur(s) effet(s), leur concentration, la nature des cellules et l'appréciation technique.

Le contact peut être effectué sur tout support approprié et notamment sur une plaque, dans un tube ou une flasque. Généralement, la mise en contact est réalisée dans une plaque multipuits ce qui permet de conduire, en parallèle, des essais nombreux et variés. Parmi les supports typiques on trouve des plaques de microtitration et plus particulièrement des plaques 96 ou 384 puits (ou plus), faciles à manipuler et sur lesquels la révélation peut être obtenue grâce à une stimulation classique.

Selon le support et la nature du composé test, des quantités variables de cellules peuvent être utilisées lors de la mise en œuvre des méthodes décrites. De manière classique,  $10^3$  à  $10^6$  cellules sont mises en contact avec un type de composé test, dans  
5 un milieu de culture approprié, et de manière préférentielle entre  $10^4$  et  $10^5$  cellules. A titre d'exemples, dans une plaque de 96 puits,  $10^5$  cellules peuvent être incubées dans chaque puit avec une quantité voulue d'un composé test. Dans une plaque de 384 puits, moins de  $10^5$  cellules et typiquement entre  $1 \times 10^4$  et  $4 \times 10^4$  cellules sont généralement incubées dans chaque puit avec le composé test.

10

La quantité (ou la concentration) de composé test peut être ajustée par l'utilisateur selon le type de composé (sa toxicité, sa capacité de pénétration cellulaire, etc.), le nombre de cellules, la longueur de la période d'incubation, etc. Généralement, les cellules sont exposées à des quantités de composés test qui varient de 1nM à 1mM. Il  
15 est bien sûr possible de tester d'autres concentrations sans dévier de la présente invention. Chaque composé peut de plus être testé en parallèle à différentes concentrations.

Différents adjuvants et/ou vecteurs et/ou produits facilitant la pénétration des  
20 composés dans les cellules tels que des liposomes, des lipides cationiques, des polymères, de la pénétratine, du Tat PDT, des peptides issus d'adénovirus (penton ou fibres) ou d'autres virus, etc. peuvent en outre être utilisés si nécessaire.

Le contact est maintenu entre 5 et 72 heures, généralement entre 12 et 48 heures. En  
25 effet, les cellules et les divers réactifs doivent de préférence rester en contact suffisamment longtemps pour permettre la synthèse de novo du produit d'expression du gène rapporteur. De manière préférée, l'incubation dure environ 36 heures.

#### **b) Détermination de l'activité des composés.**

30

La méthode proposée par l'invention pour sélectionner, identifier ou caractériser des composés capables de moduler le transport inverse du cholestérol prévoit la



transformation des cellules hôtes avec une cassette d'expression d'un gène rapporteur.

Ledit gène rapporteur peut être notamment tout gène codant et exprimant un produit dont l'activité ou la présence, dans des extraits biologiques, peut être mesurée, i.e.,  
5 détectée ou dosée, ou dont le produit de transcription peut être mesuré. Il peut s'agir, par exemple, du gène codant pour l'apo AI humaine lui-même, ou encore du gène codant pour la luciférase et plus particulièrement pour la luciférase de luciole ou pour celle de Renilla, pour la phosphatase alcaline sécrétée, la galactosidase, la lactamase, la Chloramphenicol acetyl transferase (CAT), l'hormone de croissance  
10 humaine (hGH), la  $\beta$ -glucuronidase (Gluc), la Green fluorescent protein (GFP) etc. Il est entendu que le terme « gène » désigne, au sens large, tout acide nucléique, notamment un ADNc, un ADNg, un ADN synthétique, un ARN, etc.

Le gène rapporteur, quel qu'il soit, est placé sous le contrôle d'un promoteur  
15 comprenant au moins une copie d'un élément de réponse à LRH-1 tel que défini ci-avant.

Le gène rapporteur peut donc être placé sous le contrôle de tout promoteur dont la séquence comprend la séquence SEQ ID NO : 1 ou un variant fonctionnel de celle-ci. Cette séquence particulière peut être présente à raison d'une ou de plusieurs  
20 copies dans le promoteur (préférentiellement 1 à 10 et encore plus préférentiellement 1 à 6), en amont, en aval ou en interne, dans la même orientation ou dans l'orientation opposée.

Préférentiellement, le promoteur selon l'invention comprend, comme unique élément de réponse à LRH-1, au moins une copie de l'élément de réponse à LRH-1 du  
25 promoteur du gène humain de l'apolipoprotéine AI constitué de la séquence (SEQ ID NO : 1) suivante : 5'-CTGATCCTTGAAC-3' ou un variant fonctionnel de celle-ci.

Préférentiellement, il s'agit d'un promoteur dont le différentiel d'activité en  
30 l'absence et en présence de LRH-1 ou d'un équivalent fonctionnel peut être détecté.

Pour la réalisation d'un promoteur de l'invention, l'élément de réponse à LRH-1

peut être associé à un promoteur minimal transcriptionnel. Le promoteur minimal est un promoteur transcriptionnel ayant une activité basale faible ou inexistante, et susceptible d'être augmentée en présence d'un activateur transcriptionnel (l'interaction de LRH-1 avec la jonction des régions B et C). Un promoteur minimal  
5 peut donc être un promoteur naturellement faible dans les cellules de mammifère, c'est-à-dire produisant une expression non toxique et/ou non suffisante pour obtenir un effet biologique prononcé. Avantageusement, un promoteur minimal est une construction préparée à partir d'un promoteur natif, par délétion de région(s) non essentielle(s) à l'activité transcriptionnelle. Ainsi, il s'agit de préférence d'un  
10 promoteur comprenant essentiellement une boîte TATA, généralement d'une taille inférieure à 160 nucléotides, centrée autour du codon d'initiation de la transcription. Un promoteur minimal peut ainsi être préparé à partir de promoteurs viraux, cellulaires, forts ou faibles, tels que par exemple le promoteur du gène de la thymidine kinase (TK) du virus de l'herpès (HSV-TK), le promoteur immédiat du  
15 CMV, le promoteur PGK, le promoteur du gène codant pour l'apolipoprotéine AI humaine, le promoteur SV40, etc. Le promoteur minimal peut avoir une activité suffisamment élevée pour permettre d'identifier des composés qui augmentent l'activation par LRH-1, via les régions B et C par exemple.

Le promoteur (P), l'élément de réponse à LRH-1 (ER) et le gène rapporteur (GR)  
20 sont agencés de manière fonctionnelle dans la cassette d'expression, c'est-à-dire de sorte que le promoteur minimal contrôle l'expression dudit gène et que son activité soit régulée par LRH-1. Généralement, ces régions sont donc disposées dans l'ordre suivant, dans l'orientation 5'→3' : ER-P-GR. Toutefois, tout autre agencement fonctionnel peut être envisagé par l'homme du métier sans départir de la présente  
25 invention.

En outre, les différents domaines fonctionnels ci-dessus peuvent être liés directement les uns aux autres, ou séparés par des nucléotides n'affectant pas significativement le caractère fonctionnel de la cassette d'expression ou permettant de conférer des caractéristiques ou performances améliorées au système (amplificateur, silencier,  
30 intron, site d'épissage, etc.).

La méthode de sélection, d'identification et de caractérisation de composés capables

de moduler le transport inverse du cholestérol prévoit une étape de détermination de l'expression du gène rapporteur. Il peut s'agir d'une détermination de l'activité transcriptionnelle. A cette fin, l'ARN total est extrait des cellules en culture dans des conditions expérimentales d'une part et dans une situation témoin d'autre part. Cet  
5 ARN est utilisé comme sonde pour analyser, par exemple, les changements dans l'expression du ou des gène(s) rapporteur(s).

Il peut également s'agir d'une révélation de l'expression du gène rapporteur à l'aide d'un substrat adapté. Cette révélation peut être obtenue à l'aide de techniques variées dont la nature dépend du type de gène rapporteur utilisé. La mesure peut, par  
10 exemple, correspondre à une densité optique, à une émission fluorescente ou lumineuse dans le cas d'une utilisation comme gène rapporteur du gène codant pour la  $\beta$ -galactosidase ou la luciférase.

Dans un mode particulier, l'expression du gène rapporteur est mesurée à travers le niveau d'hydrolyse d'un substrat du produit d'expression du gène rapporteur. Par  
15 exemple, de nombreux substrats peuvent être utilisés pour évaluer l'expression de la  $\beta$ -lactamase. Il peut notamment s'agir de tout produit contenant un noyau  $\beta$ -lactame et dont l'hydrolyse peut être contrôlée. Les substrats préférés sont ceux spécifiques de la  $\beta$ -lactamase (i.e., ils ne sont généralement pas hydrolysés dans les cellules de mammifères en l'absence de  $\beta$ -lactamase), ceux qui ne sont pas toxiques à l'égard  
20 des cellules de mammifères et/ou dont le produit d'hydrolyse peut être contrôlé facilement, par exemple par des méthodes basées sur la fluorescence, la radioactivité, une activité enzymatique ou toute autre méthode de détection.

Des substrats encore plus préférés sont les substrats ratiométriques. L'hydrolyse de ces substrats peut être directement reliée à l'activité du produit d'expression du gène  
25 rapporteur par le nombre de cellules. Un substrat ratiométrique spécifique et non toxique utilisable dans la présente invention est le CCF2-AM.

La concentration du substrat peut être ajustée par l'homme du métier en fonction du nombre de cellules, par exemple. Les cellules sont généralement maintenues en contact avec le substrat pendant environ 60 minutes.

30 La présence du produit du gène rapporteur (ou du produit d'hydrolyse du substrat) peut être déterminée par des méthodes classiques connues de l'homme du métier (fluorescence, D.O., luminescence, FRET (voir WO 0037077), SPA, biopuces,

méthodes immunologiques, etc.).

Généralement, on détermine l'activité d'un composé test dans une cellule et cet effet est comparé au niveau d'activité en l'absence de composé test ou à une valeur moyenne déterminée en l'absence de tout composé test.

- 5 La mesure de l'hydrolyse implique essentiellement une mesure (ou la détermination de la quantité relative) du produit d'hydrolyse contenu dans chaque échantillon réactionnel. Cette mesure peut être réalisée grâce à différentes techniques connues de l'homme du métier, incluant la détection d'une fluorescence, d'une radioactivité, d'une couleur, d'une activité enzymatique, d'un immun complexe antigène-  
10 anticorps, etc. De manière préférée, le produit d'hydrolyse est détecté et quantifié grâce à une technique de détection de fluorescence. Des fluorochromes variés peuvent ainsi être utilisés et contrôlés sur des échantillons de cellules.

- Un test secondaire permettant de valider, chez l'animal, la sélection des composés, peut aussi être réalisé grâce à la détermination de la quantité d'HDL exprimées ou  
15 grâce à la détermination d'une variation significative du transport inverse du cholestérol au niveau de cellules traitées avec lesdits composés par comparaison avec des cellules non traitées. Il est également possible de mesurer le taux plasmatique de cholestérol et/ou de déterminer l'expression hépatique de l'apo AI.

- 20 Selon un mode préféré de réalisation de l'invention, la cellule hôte comprend également un ligand de LRH-1. La désignation « ligand de LRH-1 » s'applique également aux facteurs de transcription, aux co-activateurs et co-répresseurs, ainsi qu'aux autres polypeptides impliqués dans la machinerie de régulation de l'expression de gènes. Il peut s'agir, par exemple, d'autres récepteurs comme RXR  
25 ou les récepteurs aux hormones nucléaires.

- Selon un autre mode préféré de réalisation de l'invention, on utilise dans les méthodes selon l'invention, et comme indiqué précédemment, une cellule hôte comprenant le récepteur LRH-1 ou un équivalent fonctionnel. La présence du  
30 récepteur LRH-1 permet de reproduire une situation physiologique et permet d'identifier, grâce aux méthodes précédemment décrites, des composés capables de moduler les interactions entre LRH-1 et l'un et/ou l'autre de ses élément(s) de

réponse, tel(s) que divulgué(s) par la présente invention, ou entre LRH-1 et un ou plusieurs ligand(s) de LRH-1.

5 Les méthodes selon l'invention permettent de déterminer le niveau d'expression du gène rapporteur, selon l'une des techniques connues de l'homme du métier décrites précédemment, en présence du composé test et/ou en l'absence dudit composé, une augmentation ou une diminution du niveau d'expression du gène rapporteur signalant l'aptitude du composé test à moduler le transport inverse du cholestérol.

10 L'invention peut donc être mise en œuvre à l'aide d'une construction, d'une cassette ou d'une cellule selon l'invention utilisée pour le criblage in vitro de composés capables de moduler l'activité des HDL.

15 Comme indiqué précédemment, ces méthodes permettent le criblage, rapide et en parallèle, de nombreux composés test sur une ou plusieurs populations cellulaires (cellules de mammifère, cellules humaines telles que, par exemple, des hépatocytes, cellules procaryotes, etc.). Ces méthodes sont prédictives, automatisables et adaptées à la sélection, l'identification et la caractérisation desdits composés.

20 Une forme particulière de mise en œuvre du procédé de criblage utilise les méthodes classiques d'identification de clones qui expriment des protéines qui lient l'ADN. Il peut s'agir par exemple de cribler des banques d'expression d'ADNc dans  $\lambda$ gt11 ou d'utiliser la méthode dite du « One Hybrid » ou du « Phage Display », ou encore de pratiquer une purification par chromatographie d'affinité. La ou les protéine(s) isolée(s) sont ensuite séquencées.

25

## **2. Méthodes basées sur un test de liaison.**

30 L'invention concerne également une méthode pour la sélection, l'identification ou la caractérisation de composés capables de moduler (i.e. augmenter ou diminuer) le transport inverse du cholestérol, basée sur la mesure de la liaison d'un composé test à l'un ou à plusieurs éléments de réponse. Cette méthode comprend plus particulièrement :

- la mise en contact d'un composé test avec une construction d'acide nucléique comprenant au moins une copie d'un élément de réponse à LRH-1 du promoteur du gène humain de l'apo AI ou d'un variant fonctionnel de celui-ci, et
- la détermination de la liaison éventuelle dudit composé test sur l'élément de réponse.

Préférentiellement, la méthode selon l'invention comprend :

- la mise en contact d'un composé test avec une construction d'acide nucléique comprenant, comme unique élément de réponse à LRH-1, au moins une copie de l'élément de réponse à LRH-1 du promoteur du gène humain de l'apolipoprotéine AI constitué de la séquence (SEQ ID NO : 1) suivante : 5'-CTGATCCTTGAAC-3', et
- la détermination de la liaison éventuelle dudit composé test sur l'élément de réponse.

Une autre méthode selon l'invention comprend :

- la mise en contact, en présence du récepteur LRH-1 exogène ou d'un équivalent fonctionnel de celui-ci, d'un composé test avec une construction d'acide nucléique comprenant au moins une copie d'un élément de réponse à LRH-1 du promoteur du gène humain de l'apo AI ou d'un variant fonctionnel de celui-ci, et
- la détermination de la liaison du composé test sur le et/ou les élément(s) de réponse à LRH-1 et/ou sur le complexe formé par la liaison de LRH-1 à son et/ou ses élément(s) de réponse.

Encore plus préférentiellement, la méthode selon l'invention comprend :

- la mise en contact, en présence du récepteur LRH-1 exogène ou d'un

équivalent fonctionnel de ce dernier, d'un composé test avec une construction d'acide nucléique comprenant, comme unique élément de réponse à LRH-1, au moins une copie de l'élément de réponse à LRH-1 du promoteur du gène humain de l'apolipoprotéine AI constitué de la séquence (SEQ ID NO : 1) suivante :

5'-CTGATCCTTGAAC-3', et

- la détermination de la liaison éventuelle dudit composé test sur l'élément de réponse à LRH-1 et/ou sur le complexe formé par la liaison de LRH-1 à son élément de réponse.

10

Un mode préféré de réalisation de l'invention consiste à établir la capacité dudit composé test à moduler la liaison de LRH-1 à l'élément de réponse, en déterminant la quantité de LRH-1 liée en présence du composé test par rapport à cette quantité en l'absence de composé test. Un test de compétition utilisant la technique FP (Fluorescence Polarization), connue de l'homme du métier, peut ainsi s'appliquer efficacement dans le cadre de cette détermination.

15

Un composé test capable de moduler la liaison de LRH-1 à l'élément de réponse pourra faire l'objet d'un test ultérieur de sa capacité à moduler l'expression d'un gène rapporteur et/ou le transport inverse du cholestérol, selon l'une des méthodes décrites précédemment.

20

La liaison du composé test sur l'un au moins des éléments de réponse à LRH-1 peut être mise en évidence grâce à une migration sur gel, par électrophorèse des hétérodimères formés suite à la mise en œuvre de la méthode décrite ci-dessus. Certains composés tests sont effectivement susceptibles de porter un site de liaison à l'ADN en grande partie identique à celui de LRH-1 et d'exercer ainsi une compétition avec celui-ci.

25

L'électrophorèse permet de distinguer directement les hétérodimères LRH-1/élément de réponse à LRH-1, des hétérodimères composé test/élément de réponse à LRH-1 et des éléments de réponse à LRH-1.

30

D'autres méthodes basées sur la luminescence ou utilisant la technique FRET (Fluorescence Resonance Energy Transfer) bien connue de l'homme du métier ou la technique SPA (Scintillation Proximity Assay), peuvent être mises en œuvre dans le

cadre de la présente invention pour déterminer la liaison éventuelle du composé test sur l'un et/ou l'autre élément(s) de réponse à LRH-1.

5 Dans un mode particulier, la construction d'acide nucléique comprend au moins 1 copie, de préférence de 2 à 5 copies de la séquence SEQ ID NO :1 ou d'un variant fonctionnel de celle-ci. Les composés tests capables d'activer (c'est-à-dire d'augmenter au moins partiellement) la liaison de LRH-1 sur cette construction permettent d'activer l'expression du gène rapporteur et constituent des candidats pour stimuler le transport inverse du cholestérol.

10

Selon un mode d'exécution particulier des méthodes de l'invention, il est en outre prévu de comparer les effets éventuels, déterminés grâce à l'une de ces méthodes avec ceux, éventuels, déterminés grâce à une méthode réalisée dans les mêmes conditions mais avec une construction d'acide nucléique comprenant au moins un  
15 variant inactif (par exemple, une copie mutée) d'un élément de réponse à LRH-1 du promoteur du gène codant pour l'apo AI humain (SEQ ID NO : 2) ou d'un variant fonctionnel de ce dernier. De manière préférée, la construction d'acide nucléique est constituée d'au moins une copie mutée de l'élément de réponse à LRH-1 du promoteur du gène codant pour l'apolipoprotéine AI humaine, constitué de la  
20 séquence (SEQ ID NO :1) suivante : 5'-CTGATCCTTGAAC-3', ladite copie mutée étant essentiellement incapable de lier le récepteur LRH-1.

### **C. Activité des HDL et de l'apolipoprotéine AI.**

25 Les méthodes décrites précédemment pour la sélection, l'identification ou la caractérisation de composés capables de moduler (i.e. augmenter ou diminuer) l'expression d'un gène rapporteur et/ou le transport inverse du cholestérol sont préférentiellement utilisées pour le criblage de composés capables d'augmenter le transport inverse du cholestérol et peuvent, selon un autre mode de réalisation de  
30 l'invention, être utilisées pour la sélection, l'identification ou la caractérisation de composés capables de moduler l'activité des HDL et/ou l'expression de l'apo AI.



**D. Composés test.**

La présente invention peut être appliquée à tout type de composé test. Ainsi, le composé test peut être tout produit qui se présente sous une forme isolée ou en mélange avec d'autres produits. Le composé peut être défini en termes de structure et/ou de composition ou ne pas être défini. Le composé peut, par exemple, être un produit isolé et structurellement défini, un produit isolé de structure indéfinie, un mélange de produits connus et caractérisés ou une composition indéfinie comprenant un ou plusieurs produits. Un ou plusieurs composés peuvent ainsi être testés, en mélange ou de manière séparée. De telles compositions indéfinies peuvent être, par exemple, des échantillons de tissus, des fluides biologiques, des surnageants cellulaires, des préparations végétales, etc. Les composés test peuvent être des produits inorganiques ou organiques et notamment un polypeptide (ou une protéine ou un peptide), un acide nucléique, un lipide, un polysaccharide, un composé chimique ou biologique tel qu'un facteur nucléaire, un cofacteur ou tout mélange ou dérivé de ces derniers. Le composé peut être d'origine naturelle ou synthétique et inclure une banque combinatoire, un clone ou une banque de clones d'acides nucléiques exprimant un ou plusieurs polypeptide(s) liant l'ADN, etc.

La présente invention est particulièrement adaptée à la sélection, l'identification ou la caractérisation d'un nombre important de composés. Ce criblage simple et efficace peut être accompli en un laps de temps très court. Les méthodes décrites peuvent en particulier être partiellement automatisées, autorisant ainsi le criblage efficace et simultané de composés divers et nombreux, soit sous forme de mélange soit sous forme séparée.

**E. Utilisation des composés identifiés.**

Les composés identifiés selon l'invention présentent des propriétés avantageuses pour une utilisation thérapeutique, notamment dans le domaine de l'athérosclérose. L'invention prévoit ainsi l'utilisation d'un composé capable de moduler (i.e., augmenter ou diminuer) la liaison de LRH-1 et/ou de ses cofacteurs aux éléments de

réponse du promoteur du gène codant pour l'apo AI humaine ou d'un variant fonctionnel de celui-ci (en particulier à la séquence SEQ ID NO :1 ou un variant fonctionnelle de celle-ci), pour la préparation d'une composition destinée à moduler (i.e., augmenter ou diminuer) le transport inverse du cholestérol. Selon un autre mode de réalisation de l'invention, cette utilisation peut être destinée à moduler (i.e., augmenter ou diminuer) l'activité des HDL ou à moduler l'expression de l'apo AI.

Un autre mode de réalisation de l'invention prévoit l'utilisation d'un composé capable de moduler (i.e. augmenter ou diminuer) l'effet de LRH-1 sur la transcription du gène humain de l'apo AI ou d'un variant fonctionnel de celui-ci, pour la préparation d'une composition destinée à moduler (i.e. accroître) le transport inverse du cholestérol et/ou à moduler (i.e., augmenter ou diminuer) l'activité des HDL.

Selon un mode de réalisation préféré de l'invention il s'agit d'un composé chimique ou d'un composé biologique. Selon un autre mode préféré, il s'agit d'un facteur nucléaire ou d'un cofacteur. Selon un mode encore plus préféré, il s'agit d'un clone exprimant un ou plusieurs polypeptide(s) liant l'ADN. D'une manière générale, il peut s'agir de tout composé sélectionné, identifié ou caractérisé selon l'une des méthodes précédemment décrites.

L'invention inclut l'utilisation de tout composé (ou dérivés desdits composés) sélectionné, identifié ou caractérisé selon l'une des méthodes précédemment décrites, dans le cadre de la présente invention, comme cible de recherches expérimentales ou pour la fabrication de compositions pharmaceutiques destinées à augmenter le transport inverse du cholestérol ou à traiter l'hypercholestérolémie, l'athérosclérose, les désordres lipidiques et/ou les affections cardio-vasculaires, ainsi que lesdites compositions pharmaceutiques.

D'autres avantages et applications de la présente invention apparaîtront à la lecture des exemples qui suivent, qui doivent être considérés comme purement illustratifs et non limitatifs.

## LÉGENDES DES FIGURES

- 5 **Figure 1 :** Effet de la sur-expression de LRH-1 sur l'activité du promoteur de l'apo AI humaine dans les cellules HepG2 (URL : unité relative de luminescence).
- 10 **Figure 2 :** Effet de la sur-expression de LRH-1 sur l'activité du promoteur de l'apo AI humaine dans les cellules RK13 (URL : unité relative de luminescence).
- 15 **Figure 3 :** Retard sur gel montrant l'identification d'un élément de réponse à LRH-1 situé à la jonction des régions B et C du promoteur de l'apo AI humaine. Les complexes séparés, apparaissant sur le gel d'électrophorèse, sont identifiés dans l'exemple 3.
- Figure 4 A/B:** Retard sur gel montrant l'identification d'un élément de réponse à LRH-1 compris dans le fragment -144/-122 du promoteur de l'apoAI humaine.
- 20 **Figure 5 :** Effet de la surexpression de LRH-1 sur l'activité du promoteur de l'apo AI humaine muté ou non dans les cellules HuH7 (URL : unité relative de luminescence).
- 25 **Figure 6 :** Effet de la surexpression de LRH-1 sur l'activité de différents mutants du promoteur de l'apo AI humaine dans les cellules HuH7.
- 30 **Figure 7 A/B :** Le site de fixation de LRH-1 du promoteur du gène codant pour l'Apo AI humaine est différent du site de fixation de FXR du promoteur du gène codant pour l'Apo AI humaine.

## SÉQUENCES

**SEQ ID NO : 1** (Elément de réponse à LRH-1 du promoteur du gène de l'Apo AI humaine) 5'-CTGATCCTTGAAC-3'

5

**SEQ ID NO : 2** (Elément de réponse à LRH-1 muté du promoteur du gène de l'apo AI humaine)

5'-CTGATTGTTGAAC-3'

10 **SEQ ID NO : 3** (Région B du promoteur du gène de l'apo AI humaine)

5'-

GCAGCCCCCGCAGCTTGCTGTTTGCCCACTCTATTTGCCCAGCCCCAGGGACA  
GAGCTGATCCTT -3'

15 **SEQ ID NO: 4** (Région C du promoteur du gène de l'apoAI humaine):

5'-

GAACTCTTAAGTTCCACATTGCCAGGACCAGTGAGCAGCAACAGGGCCG  
GGGCTGGGCTTATCAGCCTCCCAGCCCAGACCCTGGCT -3'

20 **SEQ ID NO : 5** (Promoteur de l'apo AI – j04066 (apoAI gene) 1819-2167)

5'-

gggagacctgcaagcctgcagcactccctcccgccccactgaaccctgacctgcctgcagccccgcagcttgctgt  
ttgccactctatttgccagccccagggacagagctgaccttgaactcttaagttccacattgccaggaccagtgagcagcaa  
cagggccggggctgggcttatcagcctccagcccagaccctggctgcagacataaataggccctgcaagagctggctgctt  
25 agagactgcgagaaggaggtgcgtcctgctgcctgccccggctcactctggctccccagctcaaggttcaggcctgccccagg  
ccgggcctctgggtac-3'

**SEQ ID NO : 6** (promoteur Tk – M80483 (pBLCAT5) 38-204 ; J02224 (Herpes simplex) 302-462)

30 5'-

tgccccgccagcgcttctgctattggcgaattcgaacacgcagatgcagtcggggcgcgcggtccaggtccacttcgcatatt  
aaggtgacgcgtgtggcctcgaacaccgagcgcacctgcagcgacccgcttaacagcgtcaacacgtgccgcagatcacga

g-3'

**SEQ ID NO : 7** (séquence sens de hCyp7a wt ):

5'-GATCTCTTAGTTCAAGGCCAGTTAG-3'

5

**SEQ ID NO : 8** (séquence antisens de hCyp7a wt ):

5'-GATCCTAACTGGCCTTGA ACTAAGA-3'

**SEQ ID NO : 9** (séquence sens hCyp 7 a mut):

10 5'-GATCTCTTAGTTCAATTCCAGTTAG-3'

**SEQ ID NO : 10** (séquence antisens hCyp 7 a mut):

5'-GATCCTAACTGGAATTGA ACTAAGA-3'

15 **SEQ ID NO : 11** (séquence sens LHRE\_ApoA1\_h\_5):

5'-GATCCGCAGCCCCCGCAGCTTGCTGTA-3'

**SEQ ID NO : 12** (séquence antisens LHRE\_ApoA1\_h\_5):

5'-GATCTACAGCAAGCTGCGGGGGCTGCG-3'

20

**SEQ ID NO : 13** (séquence sens LHRE\_ApoA1\_h\_6):

5'-GATCCTTGCCCACTCTATTTGCCAGCCCCAA-3'

**SEQ ID NO : 14** (séquence antisens LHRE\_ApoA1\_h\_6):

25 5'-GATCTTG GGGCTGGGCAAATAGAGTGGGCAAG-3'

**SEQ ID NO : 15** (séquence sens LHRE\_ApoA1\_h\_7):

5'-GATCCGGGACAGAGCTGATCCTTGA ACTA-3'

30 **SEQ ID NO : 16** (séquence antisens LHRE\_ApoA1\_h\_7):

5'-GATCTAGTTCAAGGATCAGCTCTGTCCCG-3'

**SEQ ID NO : 17** (séquence sens LHRE\_ApoA1\_h\_8):

5'-GATCCAGCTTGCTGTTTGCCCACTCTATA-3'

**SEQ ID NO : 18** (séquence antisens LHRE\_ApoA1\_h\_8):

5'-GATCTATAGAGTGGGCAAACAGCAAGCTG-3'

**SEQ ID NO : 19** (séquence sens utilisée pour la mutagenèse de ABCmutLuc+):

5'- ggacagagctgattgttgaactcttaagttccacattgcc -3'

**SEQ ID NO : 20** (séquence antisens utilisée pour la mutagenèse de ABCmutLuc+):

5'- ctaagagttcaacaatcagctctgtccctggggctgg -3'

**SEQ ID NO : 21** (séquence sens FXRRE\_ApoA1\_h\_1):

5'- CAGAGCTGATCCTTGAACCTCTTAAGTT-3'

15

**SEQ ID NO : 22** (séquence antisens FXRRE\_ApoA1\_h\_1):

5'- AACTTAAGAGTTCAAGGATCAGCTCTG-3'

**SEQ ID NO : 23** (séquence sens FXRRE\_ApoA1\_h\_1\_mut):

5'- CAGAGCTGATCCTTGAAGTGTTAAGTT -3'

**SEQ ID NO : 24** (séquence antisens FXRRE\_ApoA1\_h\_1\_mut):

5'- AACTTAACACTTCAAGGATCAGCTCTG -3'

**SEQ ID NO : 25** (séquence sens LRHRE-ApoA1 mut):

5'- GATCCGGGACAGAGCTGATTGTTGAACTA - 3'

**SEQ ID NO : 26** (séquence antisens LRHRE-ApoA1 mut):

5'- GATCTAGTTCAACAATCAGCTCTGTCCCG - 3'

30

35

## EXEMPLES

### **Exemple 1 : Effet de la sur-expression de LRH-1 sur l'activité du promoteur de l'apo AI humaine dans les cellules HepG2.**

L'exemple 1 montre que la sur-expression de hLRH-1 augmente l'activité du fragment – 254/+91 (qui comporte les régions A, B et C) du promoteur de l'apo AI, cloné en amont du gène rapporteur luciférase.

- Des cellules HepG2 sont co-transfectées par la technique de lipofection (JetPEI selon les indications du fournisseur) avec 100 ng du vecteur pCI-hLRH-1 qui permet la sur-expression de LRH-1 ou du vecteur vide pCI utilisé comme contrôle négatif et 250 ng d'un vecteur rapporteur noté ABCLuc+ qui permet l'expression du gène rapporteur luciférase sous le contrôle du fragment 254/+91 du promoteur de l'apo AI (comprenant les régions A, B, C du promoteur de hApo AI, noté ABCLuc+) ou 250 ng du vecteur rapporteur exempt de promoteur comme contrôle (noté Luc+). Ces constructions sont obtenues par l'échange du gène rapporteur CAT des constructions décrites précédemment [16] avec le gène rapporteur Luciférase extrait du plasmide pGL3 de Promega (Madison, WI, USA) comme décrit précédemment [17]. La quantité totale d'ADN transfecté est établie à 500ng à l'aide du plasmide pBKS+. Après 3 heures de transfection, les cellules sont incubées dans le milieu de culture pendant 36 heures. L'activité Luciférase est ensuite mesurée comme décrit précédemment [17] en présence ou en absence de la protéine LRH-1.

- La figure 1 montre une augmentation d'un facteur 2 de l'activité Luciférase par la sur-expression de LRH-1 lorsque les cellules HepG2 sont transfectées par la construction ABCLuc+ . Cette augmentation n'est pas observée lorsque les cellules sont transfectées avec la construction contrôle Luc+ dépourvue de promoteur.

### **Exemple 2 : Effet de la sur-expression de LRH-1 sur l'activité du promoteur de l'apo AI humaine dans les cellules RK13**

L'exemple 2 montre que la sur-expression de hLRH-1 augmente l'activité des fragments

–254/+91 (qui comporte les régions A,B et C) et –192/+21 (qui comporte les régions B et C) du promoteur de l'apo AI mais pas des fragments –128/+91 (qui comporte la région C) et –40/+91 (qui ne comporte que le promoteur minimum), clonés en amont du gène rapporteur luciférase.

5

Des cellules RK13 sont co-transfectées par la technique de lipofection (JetPEI selon les indications du fournisseur) avec 100 ng du vecteur pCI-hLRH-1 qui permet la sur-expression de LRH-1 ou du vecteur vide pCI utilisé comme contrôle négatif et 250 ng d'un vecteur rapporteur qui permet l'expression du gène rapporteur luciférase sous le  
10 contrôle des fragments –254/+91 (comprenant les régions A, B et C, notées ABCLuc+) , –192/+91 (comprenant les régions B et C, notées BCLuc+), –128/+91 (comprenant la région C, notée CLuc+) ou –40/+91 (comprenant le promoteur minimum pmin, noté pmin) du promoteur de l'apo AI ou 250 ng du vecteur rapporteur dépourvu de promoteur comme contrôle (noté Luc+). Ces constructions sont obtenues par l'échange du gène  
15 rapporteur CAT des constructions décrites précédemment [16] avec le gène rapporteur Luciférase extrait du plasmide pGL3 de Promega (Madison, WI, USA) comme décrit précédemment [17]. La quantité totale d'ADN transfecté est établie à 500 ng à l'aide du plasmide pBKS+. Après 3 heures de transfection, les cellules sont incubées dans le milieu de culture pendant 36 heures. L'activité Luciférase est ensuite mesurée comme  
20 décrit précédemment [17] en présence ou en absence de la protéine LRH-1.

La figure 2 montre qu'en présence de LRH-1, l'expression du gène codant pour la luciférase placé sous le contrôle du promoteur de l'Apo AI humain comprenant les régions A, B, C et le promoteur minimum (ABCLuc+ - fragment –254/+91) est  
25 augmentée d'un facteur 12 dans les cellules RK13 qui n'expriment pas le récepteur LRH-1 de manière endogène. L'expression de la luciférase contrôlée par une construction comprenant les régions B, C et le promoteur minimum (BCLuc+ -fragment –192/+91) du promoteur de l'Apo AI humain est augmentée d'un facteur 15. L'expression de la luciférase contrôlée par une construction comprenant la région C et le promoteur  
30 minimum (CLuc+ - fragment –128/+91) du promoteur de l'Apo AI humain n'est pas affectée. L'expression de la luciférase contrôlée par une construction comprenant seulement le promoteur minimum (pmin - fragment –40/+91) du promoteur de l'Apo AI



humain n'est que légèrement stimulée d'un facteur 2.

Nous n'observons également pas d'activation de l'expression de la luciférase lorsque les cellules RK13 sont transfectées avec le vecteur rapporteur Luc<sup>+</sup> dépourvu de séquence promotrice.

- 5 L'expression du gène apoAI est donc bien régulée par la protéine LRH-1. Il existe en cis un site situé au niveau de la région B du promoteur du gène apoAI humain permettant la fixation en trans de la protéine LRH-1.

**Exemple 3 : Identification d'un site de fixation de LRH-1 dans le promoteur de l'apo AI humaine**

L'exemple 3 montre que LRH-1 se fixe sur le fragment -144/-122 du promoteur du gène humain de l'apo AI.

- 15 La protéine hLRH-1 est produite in vitro à l'aide du kit TNT-T7 lysat de réticulocyte de lapin de Promega (ref. L4610) et du vecteur pCI-LRH-1. Des oligonucléotides doubles brins correspondants à l'élément de réponse à LRH-1 présent sur le gène Cyp7a , noté hCyp7a wt, [sens: 5'-GATCTCTTAGTTCAAGGCCAGTTAG-3' (SEQ ID NO: 7) et anti-sens: 5'-GATCCTAACTGGCCTTGAAGTAAGA-3' (SEQ ID NO:8)],
- 20 au même élément de réponse muté, noté hCyp 7 a mut, [sens: 5'-GATCTCTTAGTTCAATTCCAGTTAG-3' (SEQ ID NO: 9) et anti-sens: 5'-GATCCTAACTGGAATTGAAGTAAGA-3' (SEQ ID NO: 10)],
- au fragment -191/-171, noté LRHRE\_ApoA1\_h\_5, [sens: 5'-GATCCGCAGCCCCCGCAGCTTGCTGTA-3' (SEQ ID NO: 11) et anti-sens: 5'-GATCTACAGCAAGCTGCGGGGGCTGCG-3' (SEQ ID NO: 12)],
- 25 au fragment -178/-145, noté LRHRE\_ApoA1\_h\_6, [sens: 5'-GATCCTTGCCCACTCTATTTGCCAGCCCCAA-3' (SEQ ID NO: 13) et anti-sens: 5'-GATCTTGGGGCTGGGCAAATAGAGTGGGCAAG-3' (SEQ ID NO: 14)],
- 30 au fragment -144/-122 sauvage, noté LRHRE\_ApoA1\_h\_7, ou muté, noté LRHRE\_ApoA1 mut, [respectivement sens: 5'-GATCCGGGACAGAGCTGATCCTTGAAGTA-3' (SEQ ID

NO: 15) et anti-sens : 5'-GATCTAGTTCAAGGATCAGCTCTGTCCCG-3' (SEQ ID NO: 16), sens 5'- GATCCGGGACAGAGCTGATTGTTGAACTA - 3' (SEQ ID NO : 25) et antisens

5'- GATCTAGTTCAACAATCAGCTCTGTCCCG - 3' (SEQ ID NO: 26)] et au  
5 fragment et au fragment -180/-158, noté LRHRE\_ApoA1\_h\_8, [sens:  
5'-GATCCAGCTTGCTGTTTGCCCACTCTATA-3' (SEQ ID NO: 17) et anti-sens:  
5'-GATCTATAGAGTGGGCAAACAGCAAGCTG-3' (SEQ ID NO:18)] du promoteur  
du gène humain de l'apo AI (SEQ ID NO: 5) ont été préparés comme décrit  
précédemment [16], et marqués avec du [ $\gamma$ -<sup>32</sup>P]-ATP à l'aide de la polynucléotide kinase.

10

2 µl de lysat de réticulocyte de lapin programmés par hLRH-1 sont incubés pendant 15  
minutes à température ambiante dans un volume final de 20µl de tampon qui contient 10  
mM HEPES, 2,5 mM MgCl<sub>2</sub>, 10% glycérol, 2,5 mg/ml BSA, 50 mM NaCl et 0,5 mM  
DTT avec 2,5 µg de polydI-dC et 1 µg d'ADN de sperme de hareng en présence des  
15 oligonucléotides doubles brins marqués (0,5 ng). Les complexes sont ensuite séparés par  
électrophorèse sur gel non dénaturant dans du tampon TBE 0,25X.

La figure 3 montre un complexe LRH-1/ADN spécifique lorsque la protéine LRH-1  
produite in vitro est incubée en présence d'un oligonucléotide double brin marqué  
20 correspondant à l'élément de réponse à LRH-1 présent au niveau du gène Cyp7a  
(hCyp7a wt). Par contre, aucun complexe n'est détecté en présence de l'oligonucléotide  
double brin marqué correspondant dont l'élément de réponse est muté (hCyp7a mut). La  
figure 3 montre également qu'aucun complexe ADN/LRH-1 n'est détecté avec les  
oligonucléotides doubles brins correspondant aux fragments -191/-171  
25 (LRHRE\_ApoA1\_h\_5), -178/-145 (LRHRE\_ApoA1\_h\_6), et -180/-158  
(LRHRE\_ApoA1\_h\_8), du promoteur du gène humain de l'apo AI. Par contre, la figure  
3 montre la présence d'un complexe ADN/LRH-1 spécifique lorsque l'oligonucléotide  
double brin marqué correspond au fragment -144/-122 (LRHRE\_ApoA1\_h\_7) du  
promoteur du gène humain de l'apo AI. Ce fragment est situé à cheval sur les régions B  
30 et C du promoteur du gène humain de l'apo AI et comporte, sur le brin antisens, la  
séquence TCAAGGATC proche de la séquence consensus TCAAGGTCA d'un élément  
de réponse à LRH-1. Cet élément est fonctionnel du fait que la figure 3 montre que

l'oligonucléotide double brin correspondant dont la séquence TCAAGGATC est mutée (TCAACAATC) est incapable de former un complexe avec LRH\_1(LRHRE\_ApoA1 mut).

5 **Exemple 4 :** Le fragment -144/-122 du promoteur du gène humain de l'apo AI est un élément de réponse de faible affinité à LRH-1

L'exemple 4 montre que le fragment -144/-122 du promoteur du gène humain de l'apo AI est un site à faible affinité pour LRH-1.

10

La protéine hLRH-1 est produite in vitro à l'aide du kit TNT-T7 lysat de réticulocyte de lapin de Promega (ref. L4610) et du vecteur pCI-LRH-1. Des oligonucléotides doubles brins correspondants à l'élément de réponse à LRH-1 présent sur le gène Cyp7a (noté LRH-1-Sonde Cyp7a) ou au fragment sauvage -144/-122 (ApoA1\_h\_7) du promoteur du gène humain de l'apo AI (SEQ ID NO : 4) ont été préparés comme décrit précédemment  
15 [16], et marqués avec du [ $\gamma$ -<sup>32</sup>P]-ATP à l'aide de la polynucléotide kinase. 2  $\mu$ l de lysat de réticulocyte programmés par hLRH-1 sont incubés pendant 15 minutes à 4°C dans un volume final de 20 $\mu$ l de tampon qui contient 10 mM HEPES, 2,5 mM MgCl<sub>2</sub>, 10% glycérol, 2,5 mg/ml BSA, 50 mM NaCl et 0,5 mM DTT avec 2,5  $\mu$ g de polydI-dC et 1  
20  $\mu$ g d'ADN de sperme de hareng en présence des oligonucléotides doubles brins non marqués en excès (10X, 50 X et 100X) par rapport à la sonde marquée utilisée (0,5 ng). Les oligonucléotides doubles brins marqués (0,5ng) sont ensuite ajoutés au mélange et incubés à température ambiante pendant 15 minutes avant que les complexes soient ensuite séparés par électrophorèse sur gel non dénaturant dans du tampon TBE 0,25X.

25

La figure 4A montre qu'un oligonucléotide double brin non radioactif correspondant au fragment -144/-122 du promoteur du gène humain de l'apo AI déplace partiellement le complexe formé entre LRH-1 et un oligonucléotide double brin marqué correspondant à l'élément de réponse à LRH-1 présent au niveau du gène Cyp7a. Par contre, la figure 4A  
30 ne montre aucun déplacement du complexe formé entre LRH-1 et un oligonucléotide double brin marqué correspondant à l'élément de réponse à LRH-1 présent au niveau du gène Cyp7a par un oligonucléotide double brin non radioactif correspondant au fragment

–144/-122 muté du promoteur du gène humain de l'apo AI.

La figure 4B montre qu'un oligonucléotide double brin non radioactif correspondant à l'élément de réponse à LRH-1 présent au niveau du gène Cyp7a déplace totalement le complexe formé entre LRH-1 et un oligonucléotide double brin marqué correspondant au fragment –144/-122 du promoteur du gène humain de l'apo AI. Par contre, la figure 4B ne montre aucun déplacement du complexe formé entre LRH-1 et un oligonucléotide double brin marqué correspondant au fragment –144/-122 du promoteur du gène humain de l'apo AI par un oligonucléotide double brin non radioactif correspondant à l'élément de réponse muté à LRH-1 présent au niveau du gène Cyp7a. La comparaison des résultats présentés dans les figures 4A et B indique que l'affinité pour LRH-1 du fragment –144/-122 du promoteur du gène humain de l'apo AI est inférieure à celle de l'élément de réponse à LRH-1 présent au niveau du gène Cyp7a.

**Exemple 5:** Effet de la surexpression de LRH-1 sur l'activité du promoteur de l'apo AI humaine muté ou non dans les cellules HuH7.

L'exemple 5 montre que la mutation du site TCAAGGATC présent dans le fragment –144/-122 du promoteur du gène humain de l'apo AI réduit la sensibilité à LRH-1 d'une construction qui comporte le fragment –254/+91 du promoteur du gène humain de l'apo AI.

Des cellules HuH7 sont co-transfectées par la technique de lipofection (JetPEI selon les indications du fournisseur) avec 100 ng du vecteur pCI-hLRH-1 qui permet la surexpression de LRH-1 ou du vecteur vide pCI utilisé comme contrôle négatif et 50 ng d'un vecteur rapporteur qui permet l'expression du gène rapporteur luciférase sous le contrôle du fragment -254/+91 comprenant les régions A, B et C sauvage du promoteur de l'apo AI (notées ABC Luc+), sous le contrôle du fragment -254/+91 comprenant les sites A, B et C du promoteur de l'apo AI dont le site TCAAGGATC est muté (notés ABCmutLuc+), sous le contrôle du fragment -192/+91 comprenant les régions B et C du promoteur de hApo AI (noté BCLuc+), sous le contrôle du fragment -128/+91 comprenant la région C du promoteur de l'apo AI (noté Cluc+), sous le contrôle du fragment -40/+91 comprenant le promoteur minimum de l'apo AI (noté pmin) ou 50 ng du vecteur rapporteur dépourvu de promoteur comme contrôle (noté Luc+).

La construction ABCmutLuc<sup>+</sup> est obtenue par mutagenèse dirigée de la construction ABCLuc<sup>+</sup> sauvage, à l'aide du kit Quick Change Site directed mutagenesis (Stratagene) correspondant aux séquences sens SEQ ID NO 19 et antisens SEQ ID NO 20.

- 5 La figure 5 montre une augmentation d'un facteur 5,8 de l'activité Luciférase par la sur-expression de LRH-1 lorsque les cellules HuH7 sont transfectées par la construction ABCLuc<sup>+</sup> et de 2,6 lorsque les cellules HuH7 sont transfectées par la construction BCLuc<sup>+</sup>. Cette augmentation n'est pas ou peu observée lorsque les cellules sont transfectées avec les constructions comprenant les sites A, B et C du promoteur de l'apo AI dont le site TCAAGGATC est muté (ABCmutLuc<sup>+</sup>), la région C du promoteur de l'apo AI (Cluc<sup>+</sup>), le promoteur minimum de l'apo AI (pmin) ou la construction dépourvue de promoteur (Luc<sup>+</sup>).

L'exemple 5 montre que le site TCAAGGATC présent dans le fragment -144/-122 du promoteur du gène humain de l'apo AI sensibilise celui-ci à LRH-1.

15

**Exemple 6: Effet de la surexpression de LRH-1 sur l'activité de différents mutants du promoteur de l'apo AI humaine dans les cellules HuH7.**

- 20 L'exemple 6 montre que la mutation du site TCAAGGATC présent dans le fragment -144/-122 réduit la sensibilité à LRH-1 d'une construction qui comporte le fragment -254/+91 du promoteur du gène humain de l'apo AI cloné en amont du gène rapporteur luciférase contrairement à la mutation de l'élément de réponse à FXR du promoteur du gène humain de l'apo AI adjacent.

- 25 Des cellules HuH7 sont co-transfectées par la technique de lipofection (JetPEI selon les indications du fournisseur) avec 100ng du vecteur pCI-hLRH-1 qui permet la sur-expression de LRH-1 ou du vecteur vide pCI utilisé comme contrôle négatif et 50 ng d'un vecteur rapporteur qui permet l'expression du gène rapporteur luciférase sous le contrôle du fragment -254/+91 comprenant les régions A, B et C sauvage du promoteur de l'apo AI (notées ABC Luc<sup>+</sup> et ABCpGL3), sous le contrôle du fragment -254/+91 comprenant les sites A, B et C du promoteur de l'apo AI dont le site TCAAGGATC est muté (notés ABCmutLuc<sup>+</sup> - cf.exemple 5), sous le contrôle du fragment -254/+91 comprenant les sites A, B et C du promoteur de l'apo AI dont l'élément de réponse à FXR est muté (notés ABCpGL3FXREKO), sous le contrôle du fragment -192/+91
- 30

comprenant les régions B et C du promoteur de hApo AI (notées BCLuc+ et BCpGL3), sous le contrôle du fragment -192/+91 dont l'élément de réponse à FXR est muté (noté BCpGL3FXREKO), sous le contrôle du fragment -128/+91 comprenant la région C du promoteur de l'apo AI (noté Cluc+), sous le contrôle du fragment -40/+91 comprenant le promoteur minimum de l'apo AI (noté pmin) ou 50 ng des vecteur rapporteurs dépourvus de promoteur comme contrôle (notés Luc+ et pGL3).

La construction ABCpGL3 a été obtenue par sous-clonage du fragment -254/+91 du promoteur du gène de l'apoAI du vecteur ABCLuc+ (digestion par SalI/SphI) dans le vecteur pGL3 de Promega (digéré par XhoI/SphI). La construction ABCpGL3FXREKO a été obtenue par sous-clonage du fragment muté -254/+91 du promoteur du gène de l'apoAI du vecteur ABCLuc+FXREKO décrit précédemment [18] (digestion par SalI/SphI) dans le vecteur pGL3 (digéré par XhoI/SphI). Les constructions BCpGL3 et BCpGL3FXREKO ont été obtenues par digestion partielle et re-ligation des constructions ABCpGL3 et ABCpGL3FXREKO, respectivement.

La figure 6 montre une augmentation d'un facteur 4,8 de l'activité Luciférase par la sur-expression de LRH-1 lorsque les cellules HuH7 sont transfectées par la construction ABCLuc+, de 2.1 lorsque les cellules HuH7 sont transfectées par la construction BCLuc+, de 8.7 lorsque les cellules HuH7 sont transfectées par la construction ABCpGL3, de 11.5 lorsque les cellules HuH7 sont transfectées par la construction ABCpGL3FXREKO, de 1,9 lorsque les cellules HuH7 sont transfectées par la construction BCpGL3 et de 2.4 lorsque les cellules HuH7 sont transfectées par la construction BCpGL3FXREKO. Cette augmentation n'est pas ou peu observée lorsque les cellules sont transfectées avec les constructions comprenant les sites A, B et C du promoteur de l'apo AI dont le site TCAAGGATC est muté (ABCmutLuc+), la région C du promoteur de l'apo AI (Cluc+), le promoteur minimum de l'apo AI (pmin) ou les constructions dépourvues de promoteur (Luc+ et pGL3).

L'exemple 6 montre que le site TCAAGGATC présent dans le fragment -144/-122 du promoteur du gène humain de l'apo AI sensibilise celui-ci à LRH-1. La présence de l'élément de réponse à FXR adjacent à l'élément de réponse à LRH ne semble pas nécessaire à la réponse à LRH.

Bien que physiquement proches, ces éléments de réponse sont donc fonctionnellement distincts.

**Exemple 7 : Le site de fixation de LRH-1 du promoteur du gène codant pour l'Apo AI humaine est différent du site de fixation de FXR du promoteur du gène codant pour l'Apo AI humaine.**

L'exemple 3 montre que LRH-1 se fixe sur le fragment -144/-122 du promoteur du gène codant pour l'Apo AI humaine.

L'exemple 7 montre que le site de fixation de LRH-1 du promoteur du gène codant pour l'Apo AI humaine est différent du site de fixation de FXR du promoteur du gène codant pour l'Apo AI humaine.

Les protéines LRH-1 et FXR sont produites *in vitro* à l'aide du kit TNT-T7 (lysate de réticulocyte de lapin de Promega ; ref. L4610) et des vecteurs pCI-LRH-1 et pCDNA3-FXR.

Des expériences de retard sur gel sont réalisées dans les mêmes conditions expérimentales que dans l'exemple 3 avec des oligonucléotides doubles brins correspondants :

à l'élément de réponse à LRH-1 présent sur le gène Cyp7a, noté hCyp7a wt, [sens: 5'-GATCTCTTAGTTCAAGGCCAGTTAG-3' (SEQ ID NO: 7) et anti-sens: 5'-GATCCTAACTGGCCTTGAACCTAAGA-3' (SEQ ID NO:8)],

à l'élément de réponse de FXR du promoteur du gène humain de l'apo AI, FXRRE\_ApoA1\_h\_1, [sens: 5'-CAGAGCTGATCCTTGAACCTCTTAAGTT-3' (SEQ ID NO: 21) et anti-sens: 5'-AACTTAAGAGTTCAAGGATCAGCTCTG-3' (SEQ ID NO: 22)],

au même élément de réponse muté, noté FXRRE\_ApoA1\_h\_1\_mut, [sens: 5'-AACTTAAGAGTTCAAGGATCAGCTCTG-3' (SEQ ID NO: 23) et anti-sens: 5'-AACTTAACACTTCAAGGATCAGCTCTG-3' (SEQ ID NO: 24)],

et au fragment -144/-122 du promoteur du gène humain de l'apo AI sauvage, noté LRHRE\_ApoA1\_h\_7, ou muté, noté LRHRE\_ApoA1 mut, [respectivement sens: 5'-GATCCGGGACAGAGCTGATCCTTGAACCTA-3' (SEQ ID NO: 15) et anti-sens: 5'-GATCTAGTTCAAGGATCAGCTCTGTCCCG-3' (SEQ ID NO: 16), sens 5'-

GATCCGGGACAGAGCTGATTGTTGAACTA – 3' (SEQ ID NO : 25) et antisens  
5'- GATCTAGTTCAACAATCAGCTCTGTCCCG – 3' (SEQ ID NO : 26)].

- La figure 3 et la figure 7B montrent un complexe LRH-1/ADN spécifique lorsque la  
5 protéine LRH-1 produite *in vitro* est incubée en présence d'un oligonucléotide double  
brin marqué correspondant à l'élément de réponse à LRH-1 présent au niveau du gène  
Cyp7a (hCyp7a wt). Par contre, aucun complexe n'est détecté en présence de  
l'oligonucléotide double brin marqué correspondant dont l'élément de réponse est muté  
(hCyp7a mut) (figure 3).
- 10 La figure 3 montre également la présence d'un complexe ADN/LRH-1 spécifique lorsque  
la protéine LRH-1 est incubée en présence de l'oligonucléotide double brin marqué  
correspondant au fragment -144/-122 (LRHRE\_ApoA1\_h\_7) du promoteur du gène  
humain de l'apo AI et ne montre plus la présence de ce complexe avec l'oligonucléotide  
double brin correspondant dont la séquence TCAAGGATC est mutée (LRHRE\_ApoA1  
15 mut).

- La figure 7A montre qu'aucun complexe ADN/FXR n'est détecté lorsque la protéine  
FXR produite *in vitro* est incubée en présence des oligonucléotides doubles brins  
marqués correspondant au fragment -144/-122 (LRHRE\_ApoA1\_h\_7) du promoteur du  
20 gène humain de l'apo AI et au même fragment muté (LRHRE\_ApoA1 mut). En  
revanche, la figure 7A montre la présence d'un complexe ADN/FXR spécifique lorsque  
la protéine FXR produite *in vitro* est incubée en présence d'un oligonucléotide double  
brin marqué correspondant à l'élément de réponse à FXR du promoteur du gène humain  
de l'apo AI (FXRRE\_ApoA1\_h\_1) et ne montre plus la présence de ce même complexe  
25 lorsque la protéine FXR est incubée avec ce même élément de réponse muté  
(FXRRE\_ApoA1\_h\_1\_mut).

- La figure 7B montre la présence d'un complexe ADN/LRH-1 spécifique lorsque la  
protéine LRH-1 produite *in vitro* est incubée en présence d'un oligonucléotide double  
30 brin marqué correspondant à l'élément de réponse à FXR du promoteur du gène humain  
de l'apo AI (FXRRE\_ApoA1\_h\_1) ou avec ce même élément de réponse muté  
(FXRRE\_ApoA1\_h\_1\_mut).



Ainsi, des mutations affectant l'élément de réponse à FXR du promoteur du gène humain de l'apo AI n'affectent pas la liaison de LRH-1 à son élément de réponse tandis que cette même mutation affecte la fixation de FXR sur son élément de réponse situé sur le

5 promoteur du gène humain de l'apo AI. L'exemple 7 montre donc que les site de fixation de LRH-1 et de FXR du promoteur du gène humain de l'apo AI sont distincts.

## REFERENCES

1. Francis, G.A., et al., *Nuclear receptors and the control of metabolism*. Annu Rev Physiol, 2003. **65**: p. 261-311.
- 5 2. Zhang, C.K., et al., *Characterization of the genomic structure and tissue-specific promoter of the human nuclear receptor NR5A2 (hB1F) gene*. Gene, 2001. **273**(2): p. 239-49.
3. Sirianni, R., et al., *Liver receptor homologue-1 is expressed in human steroidogenic tissues and activates transcription of genes encoding steroidogenic enzymes*. J Endocrinol, 2002. **174**(3): p. R13-7.
- 10 4. Ellinger-Ziegelbauer, H., et al., *FTZ-F1-related orphan receptors in Xenopus laevis: transcriptional regulators differentially expressed during early embryogenesis*. Mol Cell Biol, 1994. **14**(4): p. 2786-97.
5. Lin, W., et al., *Zebrafish ftz-f1 gene has two promoters, is alternatively spliced, and is expressed in digestive organs*. Biochem J, 2000. **348 Pt 2**: p. 439-46.
- 15 6. Chen, F., et al., *Liver Receptor Homologue-1 Mediates Species- and Cell Line-specific Bile Acid-dependent Negative Feedback Regulation of the Apical Sodium- dependent Bile Acid Transporter*. J Biol Chem, 2003. **278**(22): p. 19909-16.
- 20 7. Schoonjans, K., et al., *Liver receptor homolog 1 controls the expression of the scavenger receptor class B type I*. EMBO Rep, 2002. **3**(12): p. 1181-7.
8. Le Goff, W., et al., *A CYP7A promoter binding factor site and Alu repeat in the distal promoter region are implicated in regulation of human CETP gene expression*. J Lipid Res, 2003. **44**(5): p. 902-10.
- 25 9. Segrest, J., et al., *Structure and function of apolipoprotein A-I and high-density lipoprotein*. Curr Opin Lipidol, 2000. **11**(2): p. 105-15.
10. Fruchart, J. and P. Duriez, *High density lipoproteins and coronary heart disease. Future prospects in gene therapy*. Biochimie, 1998. **80**(2): p. 167-72.
11. Leroy, A., J. Dallongeville, and J. Fruchart, *Apolipoprotein A-I-containing lipoproteins and atherosclerosis*. Curr Opin Lipidol, 1995. **6**(5): p. 281-5.
- 30 12. Breslow, J., et al., *Isolation and characterization of cDNA clones for human apolipoprotein A-I*. PNAS, 1982. **79**(22): p. 6861-6865.

13. Shoulders, C. and F. Baralle, *Isolation of the human HDL apolipoprotein AI gene*. Nucleic Acids Res., 1982. **10**(16): p. 4873-4882.
14. Karathanasis, S., et al., *Linkage of human apolipoproteins A-I and C-III genes*. Nature, 1983. **304**(5924): p. 371-3.
- 5 15. Widom, R., et al., *Synergistic interactions between transcription factors control expression of the apolipoprotein AI gene in liver cells*. Mol. Cell. Biol., 1991. **11**(2): p. 677-687.
16. Vu-Dac, N., et al., *Negative regulation of the human apolipoprotein A-I promoter by fibrates can be attenuated by the interaction of the peroxisome proliferator-activated receptor with its response element*. J. Biol. Chem., 1994. **269**(49): p. 31012-31018.
- 10 17. Raspe, E., et al., *Modulation of rat liver apolipoprotein gene expression and serum lipid levels by tetradecylthioacetic acid (TTA) via PPAR{alpha} activation*. J. Lipid Res., 1999. **40**(11): p. 2099-2110.
- 15 18. Claudel, T., et al., *Bile acid-activated nuclear receptor FXR suppresses apolipoprotein A-I transcription via a negative FXR response element*. J Clin Invest., 2002. **109**(7) : p.961-971

## REVENDICATIONS

1. Méthode pour la sélection, l'identification ou la caractérisation de composés capables de moduler le transport inverse du cholestérol, qui comprend :
  - la mise en contact d'un composé test avec une construction d'acide nucléique comprenant, comme unique élément de réponse à LRH-1, au moins une copie de l'élément de réponse à LRH-1 du promoteur du gène humain de l'apolipoprotéine AI constitué de la séquence (SEQ ID NO : 1) suivante : 5'-CTGATCCTTGAAC-3', et
  - la détermination de la liaison éventuelle dudit composé test sur l'élément de réponse.
2. Méthode selon la revendication 1, caractérisée en ce que la mise en contact est effectuée en présence du récepteur LRH-1 exogène ou d'un équivalent fonctionnel de ce dernier, et en ce que l'on détermine la liaison éventuelle dudit composé test sur l'élément de réponse à LRH-1 et/ou sur le complexe formé par la liaison de LRH-1 à son élément de réponse.
3. Méthode pour la sélection, l'identification ou la caractérisation de composés capables de moduler le transport inverse du cholestérol, qui comprend :
  - la mise en contact d'un composé test avec une cellule hôte comprenant une cassette d'expression d'un gène rapporteur, ladite cassette comprenant un gène rapporteur placé sous le contrôle d'un promoteur comprenant, comme unique élément de réponse à LRH-1, au moins une copie de l'élément de réponse à LRH-1 du promoteur du gène humain de l'apolipoprotéine AI constitué de la séquence (SEQ ID NO : 1) suivante : 5'-CTGATCCTTGAAC-3', et
  - la détermination de l'effet de la présence du composé test sur la liaison de LRH-1 à l'élément de réponse ou sur l'expression du gène rapporteur.
4. Méthode selon la revendication 3, caractérisée en ce que la cellule hôte comprend un récepteur LRH-1 exogène ou un équivalent fonctionnel de ce dernier.

5. Méthode selon l'une des revendications 3 ou 4, caractérisée en ce que la cellule hôte comprend un ligand de LRH-1.
6. Méthode selon l'une des revendications 3 à 5 comprenant la détermination du niveau d'expression du gène rapporteur en présence du composé test et en l'absence dudit composé, une augmentation ou une diminution du niveau d'expression du gène rapporteur signalant l'aptitude du composé test à moduler le transport inverse du cholestérol.
7. Méthode selon l'une des revendications 3 à 6, caractérisée en ce que la cellule hôte est une cellule de mammifère.
8. Méthode selon la revendication 7, caractérisée en ce que la cellule de mammifère est une cellule humaine.
9. Méthode selon l'une des revendications 3 à 8, caractérisée en ce que le gène rapporteur est un gène codant un produit dont l'activité ou la présence dans des extraits biologiques peut être mesurée, notamment l'un des gènes codant pour la luciférase, la phosphatase alcaline sécrétée, la galactosidase ou la lactamase.
10. Méthode selon l'une des revendications 3 à 9, caractérisée en ce que le promoteur est choisi parmi le promoteur HSV-TK, le promoteur immédiat du CMV, le promoteur PGK, le promoteur du gène codant pour l'apolipoprotéine AI humaine et le promoteur SV40.
11. Méthode selon l'une des revendications 1 à 10, caractérisée en ce qu'un ou plusieurs composés sont testés, en mélange ou de manière séparée.
12. Méthode selon l'une des revendications 1 à 11, caractérisée en ce que le composé test est une banque combinatoire.
13. Méthode selon la revendication 12, caractérisée en ce que le composé test est un clone ou une banque de clones d'acides nucléiques codant un ou plusieurs polypeptide(s) liant l'ADN.

14. Méthode selon l'une quelconque des revendications précédentes, caractérisée en ce que la mise en contact est réalisée dans une plaque multipuits.
15. Méthode selon l'une quelconque des revendications précédentes comprenant, en outre, la comparaison des effets éventuels déterminés grâce à ladite méthode avec ceux, éventuels, déterminés grâce à une méthode réalisée dans les mêmes conditions mais avec une construction d'acide nucléique constituée d'au moins une copie mutée de l'élément de réponse à LRH-1 du promoteur du gène codant pour l'apolipoprotéine AI humaine, constitué de la séquence (SEQ ID NO : 1) suivante :  
5'-CTGATCCTTGAAC-3',  
ladite copie mutée étant essentiellement incapable de lier le récepteur LRH-1.
16. Méthode selon l'une quelconque des revendications précédentes, pour la sélection, l'identification ou la caractérisation de composés capables d'augmenter le transport inverse du cholestérol.
17. Méthode selon l'une quelconque des revendications 1 à 15, pour la sélection, l'identification ou la caractérisation de composés capables de moduler l'activité des HDL.
18. Méthode selon l'une quelconque des revendications 1 à 15, pour la sélection, l'identification ou la caractérisation de composés capables de moduler l'expression de l'apolipoprotéine AI.
19. Utilisation d'un composé capable de moduler la liaison de LRH-1 et/ou de ses cofacteurs à l'élément de réponse du promoteur du gène codant pour l'apolipoprotéine AI humaine ou d'un variant fonctionnel de celui-ci, pour la préparation d'une composition destinée à moduler le transport inverse du cholestérol.
20. Utilisation d'un composé augmentant la liaison de LRH-1 et/ou de ses cofacteurs à la séquence SEQ ID NO : 1 ou un variant fonctionnel de celle-ci, pour la préparation d'une composition destinée à augmenter le transport inverse du cholestérol.

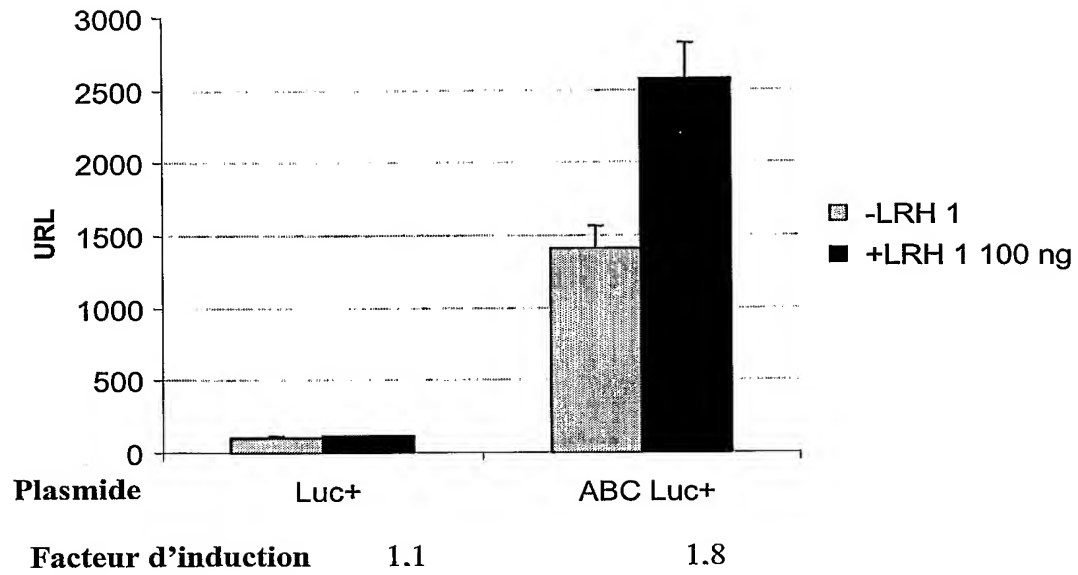
21. Utilisation d'un composé modulant la liaison de LRH-1 et/ou de ses cofacteurs à la séquence SEQ ID NO : 1 ou un variant fonctionnel de celle-ci, pour la préparation d'une composition destinée à moduler l'activité des HDL.
22. Utilisation d'un composé augmentant la liaison de LRH-1 et/ou de ses cofacteurs à la séquence SEQ ID NO : 1 ou un variant fonctionnel de celle-ci, pour la préparation d'une composition destinée à augmenter l'activité des HDL.
23. Utilisation d'un composé modulant la liaison de LRH-1 et/ou de ses cofacteurs à la séquence SEQ ID NO : 1 ou un variant fonctionnel de celle-ci, pour la préparation d'une composition destinée à moduler l'expression de l'ApoAI.
24. Utilisation d'un composé augmentant l'effet de LRH-1 et/ou de ses cofacteurs sur la transcription du gène humain de l'apolipoprotéine AI pour la préparation d'une composition destinée à moduler le transport inverse du cholestérol.
25. Utilisation selon l'une des revendications 19 à 24 dans laquelle ledit composé est un composé biologique ou un composé chimique.
26. Utilisation selon l'une des revendications 19 à 24, caractérisée en ce que le composé est un facteur nucléaire ou un cofacteur.
27. Utilisation selon l'une des revendications 19 à 24, caractérisée en ce que le composé est un clone exprimant un ou plusieurs polypeptide(s) liant l'ADN.
28. Utilisation selon l'une des revendications 19 à 24, caractérisée en ce que le composé est un composé sélectionné, identifié ou caractérisé selon l'une des revendications 1 à 18.
29. Fragment d'acide nucléique caractérisé par la séquence (SEQ ID NO : 1) suivante :  
5'-CTGATCCTTGAAC-3'.
30. Cassette d'expression comprenant au moins une copie du fragment d'acide nucléique

selon la revendication 29, et un promoteur, choisi parmi le promoteur immédiat du CMV et le promoteur PGK, associé à un gène rapporteur placé sous le contrôle dudit promoteur.

31. Utilisation d'une cassette selon la revendication 30, pour le criblage in vitro de composés capables de moduler l'activité des HDL.
32. Composition pharmaceutique comprenant un composé sélectionné, identifié ou caractérisé selon l'une des méthodes revendiquées dans les revendications 1 à 18.



1/9

**Figure 1**

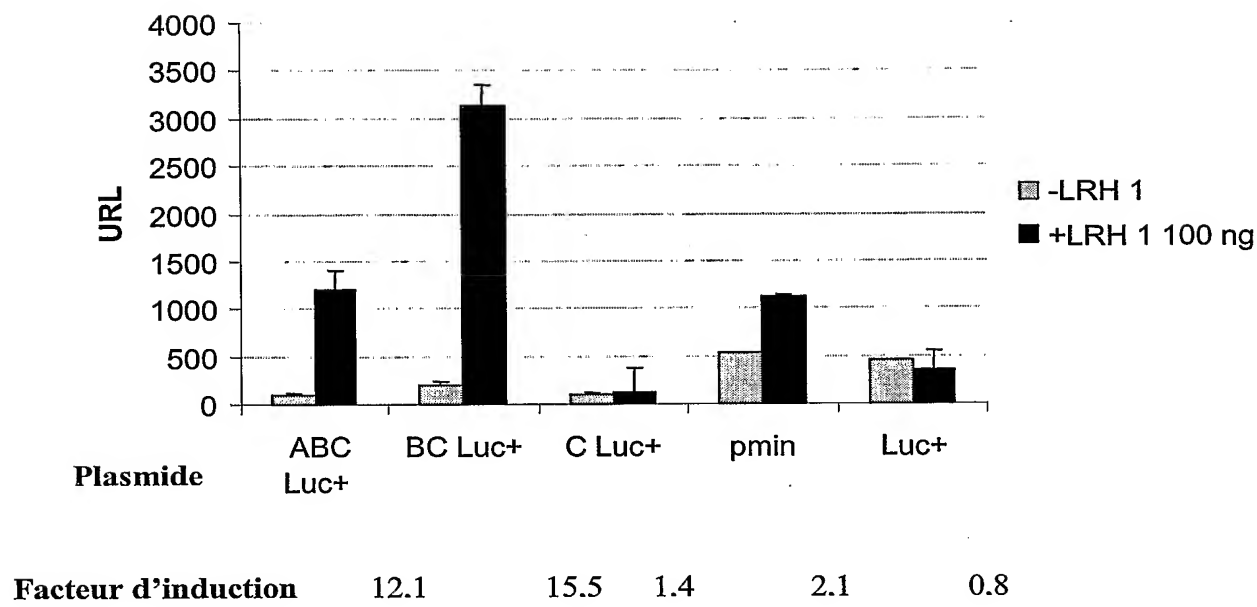


Figure 2

3/9

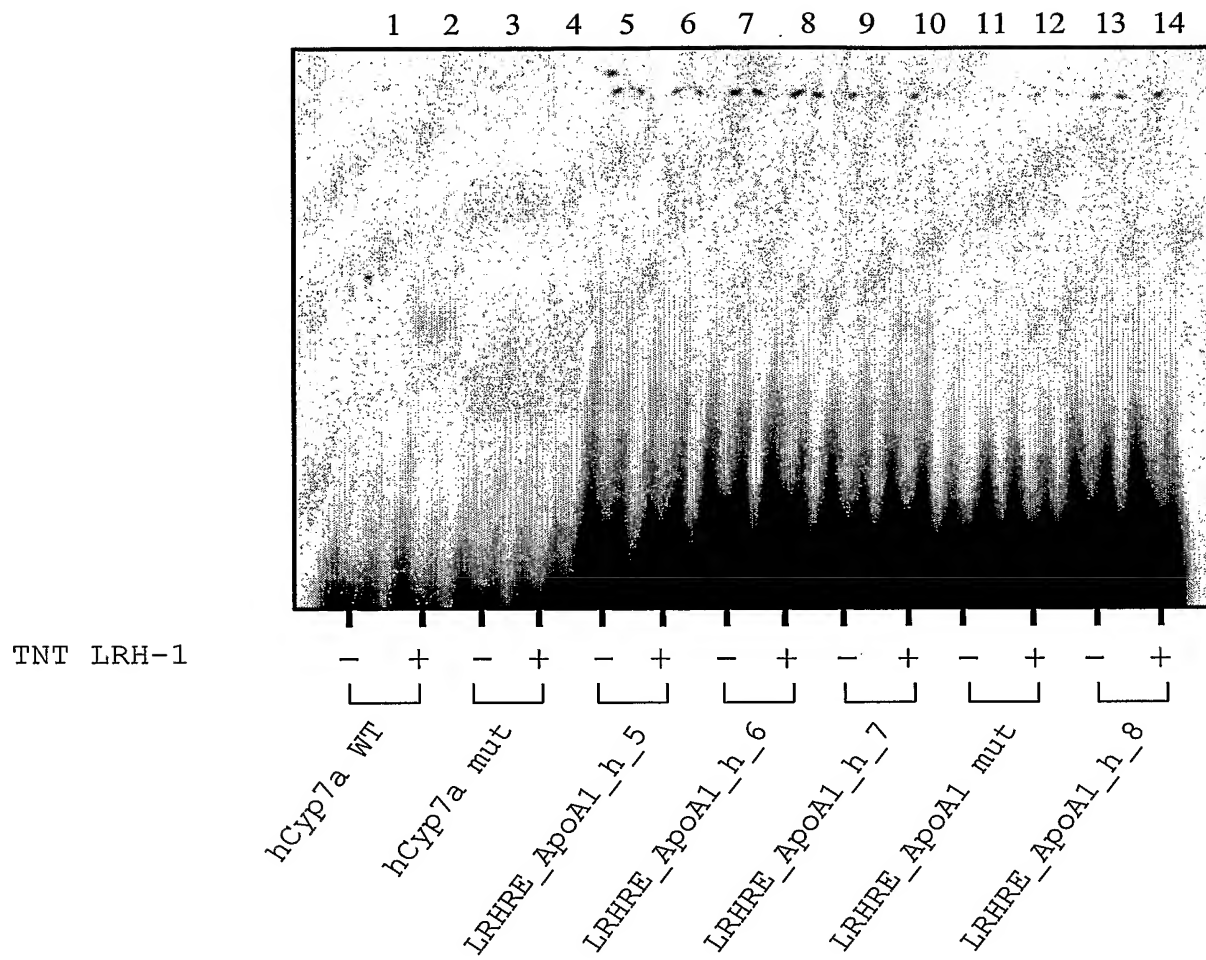


Figure 3

4/9

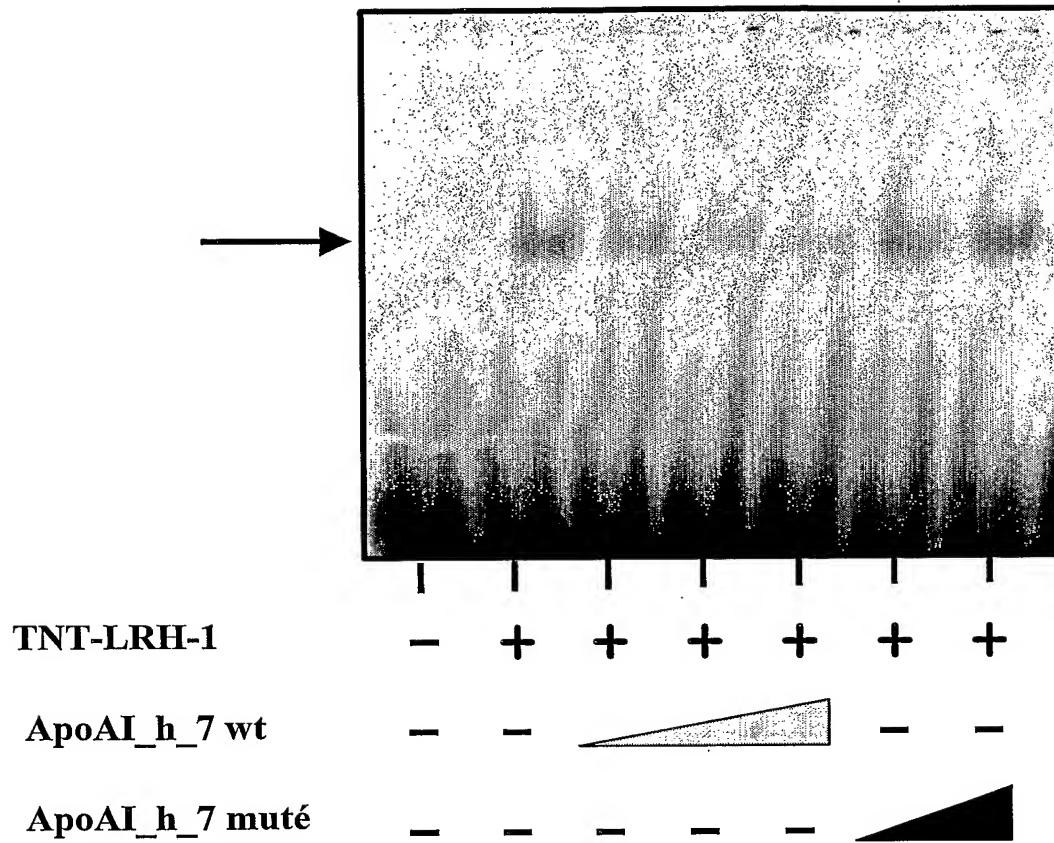


Figure 4A

5/9

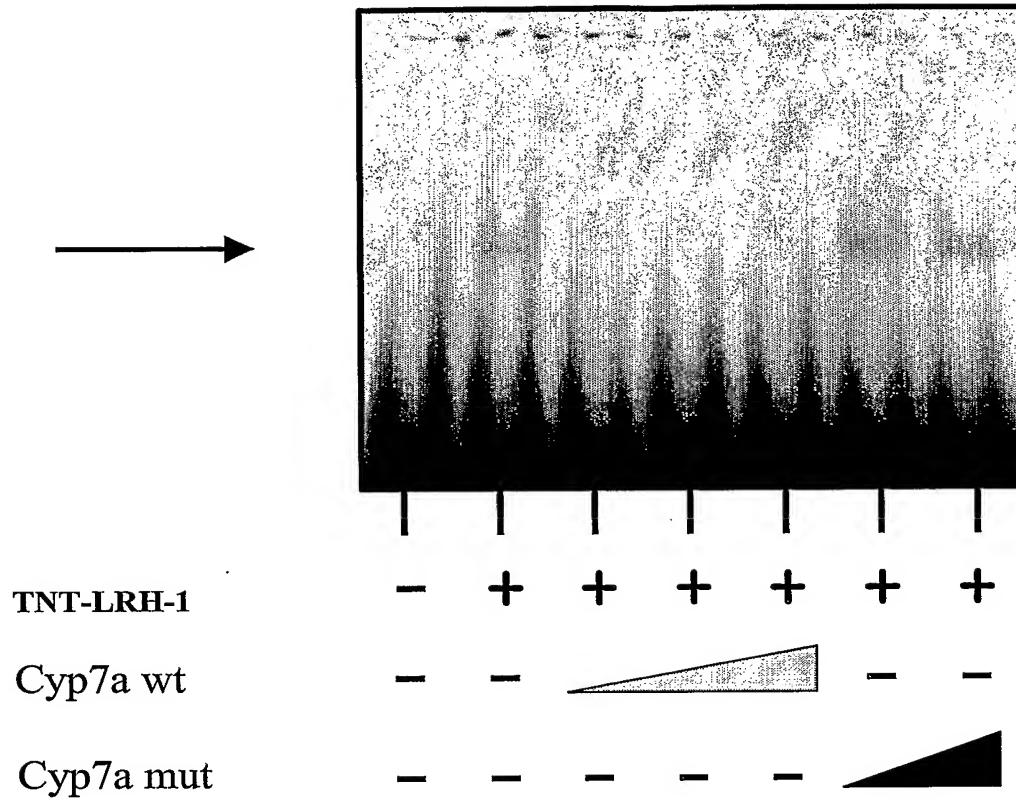


Figure 4B

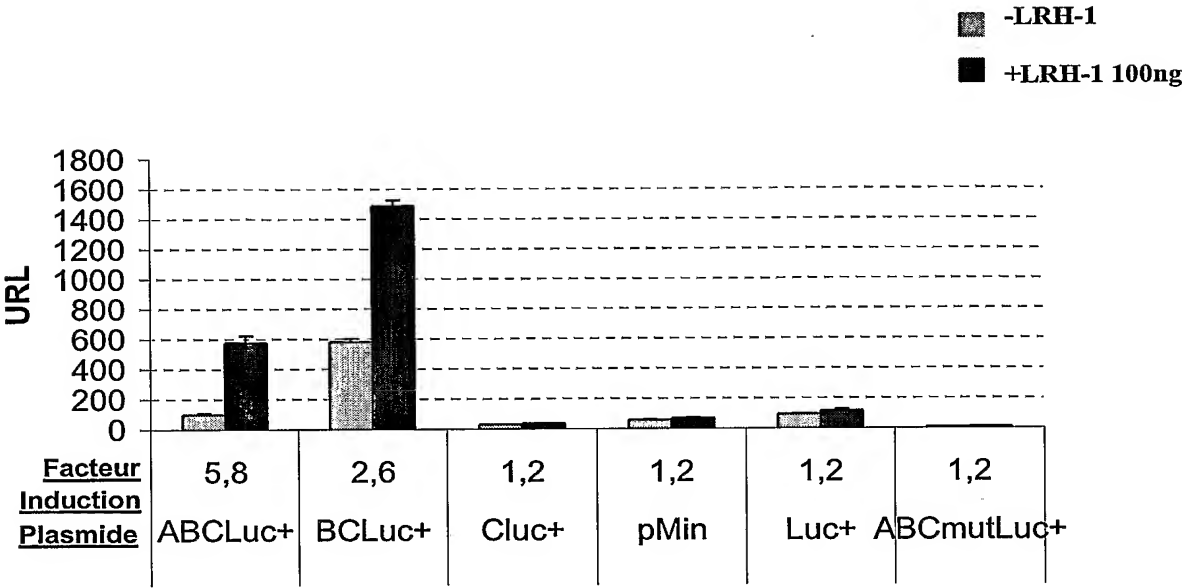


Figure 5

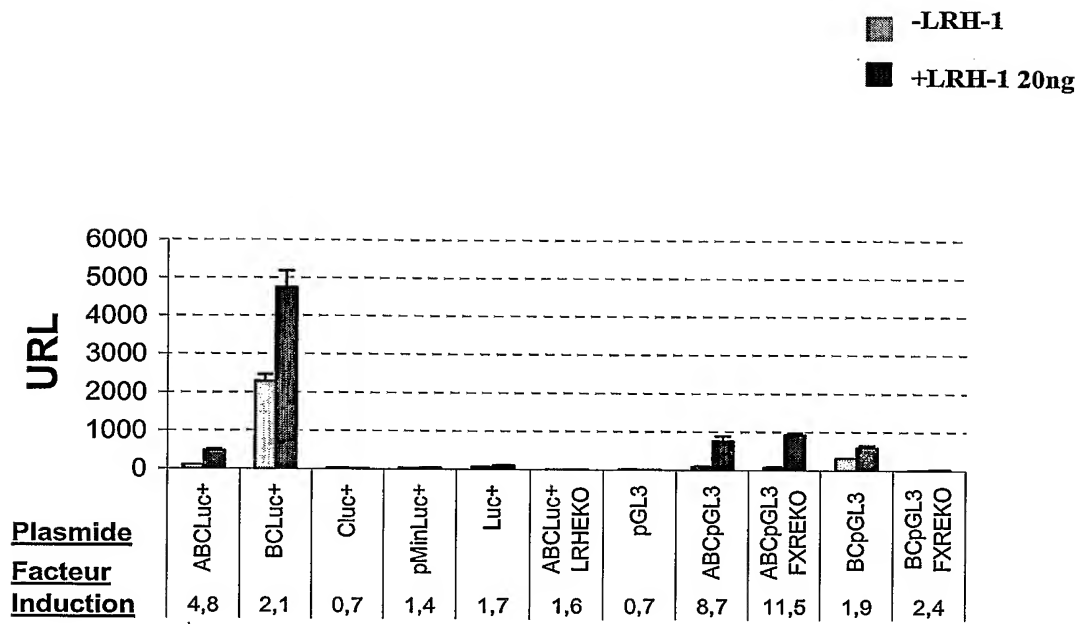
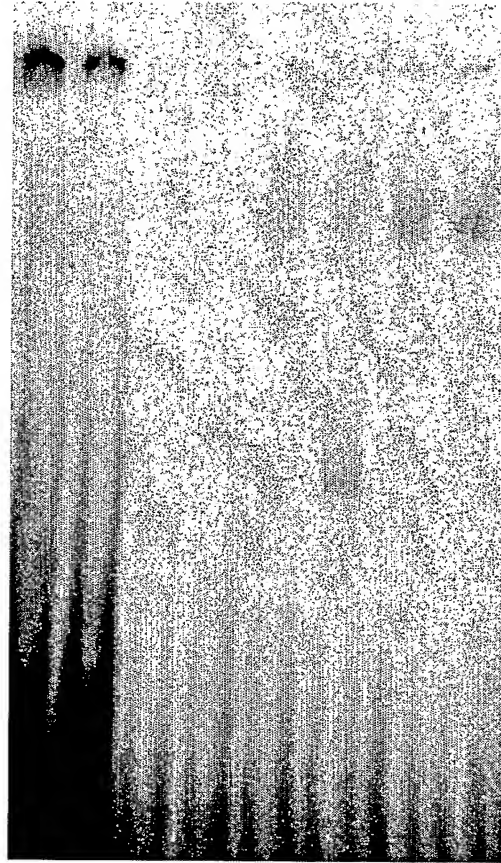


Figure 6

8/9

- 1- LRHRE\_ApoAI\_h\_7
- 2- LRHRE\_ApoAI\_mut
- 3- FXRRE\_ApoAI\_h\_1
- 4- FXRRE\_ApoAI\_h\_1\_mut



TNT FXR

-	+	-	+	-	+	-	+
1	1	2	2	3	3	4	4

**Figure 7A**



9/9

- 1- FXRRE\_ApoAI\_h\_1
- 2- FXRRE\_ApoAI\_h\_1\_mut
- 3- hCyp7a WT

TNT LRH-1

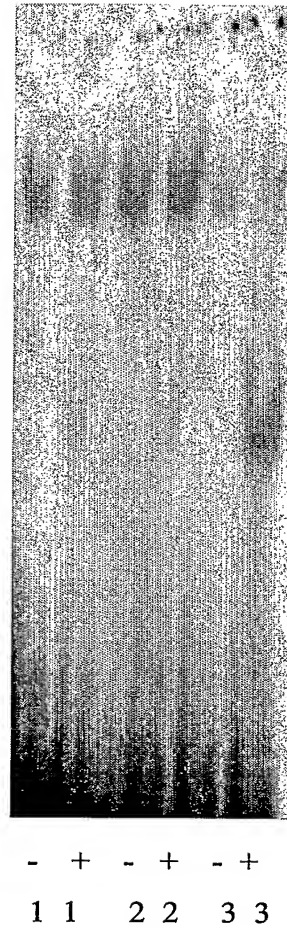


Figure 7B

B0219WO SEQ LIST  
LISTE DE SEQUENCES

<110> GENFIT SA

<120> Procédé pour identifier des composés modulant le transport inverse du cholestérol.

<130> B0219WO

<140>

<141>

<160> 26

<170> PatentIn Ver. 2.1

<210> 1

<211> 13

<212> ADN

<213> Séquence artificielle

<220>

<223> Description de la séquence artificielle: Elément de réponse à LRH-1 du promoteur du gène de l'Apo AI humaine.

<400> 1

ctgatccttg aac

13

<210> 2

<211> 13

<212> ADN

<213> Séquence artificielle

<220>

<223> Description de la séquence artificielle: Elément de réponse à LRH-1 muté du promoteur du gène de l'Apo AI humaine.

<400> 2

ctgattgttg aac

13

<210> 3

<211> 65

<212> ADN

<213> Séquence artificielle

<220>

<223> Description de la séquence artificielle: Région B du promoteur du gène de l'Apo AI humaine.

<400> 3

gcagcccccg cagcttgctg tttgccact ctatttgccc agccccaggg acagagctga 60  
tcctt 65

<210> 4

<211> 87

<212> ADN

<213> Séquence artificielle

<220>

<223> Description de la séquence artificielle: Région C du promoteur du gène de l'Apo AI humaine.

<400> 4

gaactcttaa gttccacatt gccaggacca gtgagcagca acagggccgg ggctgggctt 60

## B0219WO SEQ LIST

atcagcctcc cagcccagac cctggct

87

&lt;210&gt; 5

&lt;211&gt; 349

&lt;212&gt; ADN

&lt;213&gt; Séquence artificielle

&lt;220&gt;

&lt;223&gt; Description de la séquence artificielle: Promoteur de l'Apo AI - j04066 (gène Apo AI) 1819-2167.

&lt;400&gt; 5

```

gggagacctg caagcctgca gcactcccct cccgccccca ctgaaccctt gacccctgcc 60
ctgcagcccc cgcagcttgc tgtttgccca ctctatttgc ccagccccag ggacagagct 120
gatccttgaa ctcttaagtt ccacattgac aggaccagtg agcagcaaca gggccggggc 180
tgggcttatc agcctcccag cccagaccct ggctgcagac ataaataggc cctgcaagag 240
ctggctgctt agagactgca agaaggaggt gcgtcctgct gcctgccccg gtcactctgg 300
ctccccagct caaggttcag gccttgcccc aggccggggc tctgggtac 349

```

&lt;210&gt; 6

&lt;211&gt; 166

&lt;212&gt; ADN

&lt;213&gt; Séquence artificielle

&lt;220&gt;

&lt;223&gt; Description de la séquence artificielle: Promoteur Tk - M80483 (pBLCAT5) 38-204; J02224 (Herpes simplex) 302-462.

&lt;400&gt; 6

```

tgccccgccc agcgtcttgt cattggcgaa ttcgaacacg cagatgcagt cggggcgggc 60
cgggtccaggt ccacttcgca tattaagggtg acgcgtgtgg cctcgaacac cgagcgaccc 120
tgcagcgacc cgcttaacag cgtcaacacg tgccgcagat cagcag 166

```

&lt;210&gt; 7

&lt;211&gt; 25

&lt;212&gt; ADN

&lt;213&gt; Séquence artificielle

&lt;220&gt;

&lt;223&gt; Description de la séquence artificielle: Séquence sens de hCyp7a wt.

&lt;400&gt; 7

gatctcttag ttcaaggcca gtttag

25

&lt;210&gt; 8

&lt;211&gt; 25

&lt;212&gt; ADN

&lt;213&gt; Séquence artificielle

&lt;220&gt;

&lt;223&gt; Description de la séquence artificielle: Séquence antisens de hCyp7a wt.

&lt;400&gt; 8

gacctaact ggccttgaac taaga

25

&lt;210&gt; 9

&lt;211&gt; 25

&lt;212&gt; ADN

&lt;213&gt; Séquence artificielle

## B0219WO SEQ LIST

<220>  
<223> Description de la séquence artificielle: Séquence  
sens hCyp 7 a mut.

<400> 9  
gatctcttag ttcaattcca gttag 25

<210> 10  
<211> 25  
<212> ADN  
<213> Séquence artificielle

<220>  
<223> Description de la séquence artificielle: Séquence  
antisens hCyp 7a mut.

<400> 10  
gatcctaact ggaattgaac taaga 25

<210> 11  
<211> 27  
<212> ADN  
<213> Séquence artificielle

<220>  
<223> Description de la séquence artificielle: Séquence  
sens LHRE\_ApoA1\_h\_5.

<400> 11  
gatccgcagc ccccgagct tgctgta 27

<210> 12  
<211> 27  
<212> ADN  
<213> Séquence artificielle

<220>  
<223> Description de la séquence artificielle: Séquence  
antisens LHRE\_ApoA1\_h\_5.

<400> 12  
gatctacagc aagctgcggg ggctgcg 27

<210> 13  
<211> 32  
<212> ADN  
<213> Séquence artificielle

<220>  
<223> Description de la séquence artificielle: Séquence  
sens LHRE\_ApoA1\_h\_6.

<400> 13  
gaticcttgcc cactctatatt gccagcccc aa 32

<210> 14  
<211> 32  
<212> ADN  
<213> Séquence artificielle

<220>  
<223> Description de la séquence artificielle: Séquence  
antisens LHRE\_ApoA1\_h\_6.

## B0219WO SEQ LIST

<400> 14  
gatcttgggg ctgggcaa at agagtgggca ag 32

<210> 15  
<211> 29  
<212> ADN  
<213> Séquence artificielle

<220>  
<223> Description de la séquence artificielle: Séquence  
sens LHRE\_ApoAI\_h\_7.

<400> 15  
gatccgggac agagctgac cttgaacta 29

<210> 16  
<211> 29  
<212> ADN  
<213> Séquence artificielle

<220>  
<223> Description de la séquence artificielle: Séquence  
antisens LHRE\_ApoAI\_h\_7.

<400> 16  
gatctagttc aaggatcagc tctgtcccg 29

<210> 17  
<211> 29  
<212> ADN  
<213> Séquence artificielle

<220>  
<223> Description de la séquence artificielle: Séquence  
sens LHRE\_ApoAI\_h\_8.

<400> 17  
gatccagctt gctgtttgcc cactctata 29

<210> 18  
<211> 29  
<212> ADN  
<213> Séquence artificielle

<220>  
<223> Description de la séquence artificielle: Séquence  
antisens LHRE\_ApoAI\_h\_8.

<400> 18  
gatctataga gtgggcaa ac agcaagctg 29

<210> 19  
<211> 40  
<212> ADN  
<213> Séquence artificielle

<220>  
<223> Description de la séquence artificielle: Séquence  
sens utilisée pour la mutagenèse de ABCmutLuc+.

<400> 19  
ggacagagct gattgttgaa ctcttaagtt ccacattgcc 40

## B0219WO SEQ LIST

<210> 20  
<211> 38  
<212> ADN  
<213> Séquence artificielle  
  
<220>  
<223> Description de la séquence artificielle: séquence  
antisens utilisée pour la mutagenèse de  
ABCmutLuc+.  
  
<400> 20  
cttaagagtt caacaatcag ctctgtccct ggggctgg 38  
  
<210> 21  
<211> 27  
<212> ADN  
<213> Séquence artificielle  
  
<220>  
<223> Description de la séquence artificielle: séquence  
sens FXRRE\_ApoA1\_h\_1..  
  
<400> 21  
cagagctgat ccttgaactc ttaagtt 27  
  
<210> 22  
<211> 27  
<212> ADN  
<213> Séquence artificielle  
  
<220>  
<223> Description de la séquence artificielle: séquence  
antisens FXRRE\_ApoA1\_h\_1.  
  
<400> 22  
aacttaagag ttcaaggatc agctctg 27  
  
<210> 23  
<211> 27  
<212> ADN  
<213> Séquence artificielle  
  
<220>  
<223> Description de la séquence artificielle: séquence  
sens FXRRE\_ApoA1\_h\_1\_mut.  
  
<400> 23  
cagagctgat ccttgaagtg ttaagtt 27  
  
<210> 24  
<211> 27  
<212> ADN  
<213> Séquence artificielle  
  
<220>  
<223> Description de la séquence artificielle: séquence  
antisens FXRRE\_ApoA1\_h\_1\_mut.  
  
<400> 24  
aacttaacac ttcaaggatc agctctg 27

## B0219WO SEQ LIST

&lt;210&gt; 25

&lt;211&gt; 29

&lt;212&gt; ADN

&lt;213&gt; Séquence artificielle

&lt;220&gt;

<223> Description de la séquence artificielle: Séquence  
sens LRHRE-ApoA1 mut.

&lt;400&gt; 25

gatccgggac agagctgatt gttgaacta

29

&lt;210&gt; 26

&lt;211&gt; 29

&lt;212&gt; ADN

&lt;213&gt; Séquence artificielle

&lt;220&gt;

<223> Description de la séquence artificielle: séquence  
antisens LRHRE-ApoA1 mut.

&lt;400&gt; 26

gatctagttcaacaatcagctctgtcccg

29

## INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International Application No  
PCT/FR2004/003373

A. CLASSIFICATION OF SUBJECT MATTER  
IPC 7 C12Q1/68 G01N33/53

According to International Patent Classification (IPC) or to both national classification and IPC

## B. FIELDS SEARCHED

Minimum documentation searched (classification system followed by classification symbols)  
IPC 7 C12Q

Documentation searched other than minimum documentation to the extent that such documents are included in the fields searched

Electronic data base consulted during the international search (name of data base and, where practical, search terms used)

EPO-Internal, BIOSIS, EMBASE, WPI Data, PAJ

## C. DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category *	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
A	WO 02/063038 A (STAELS BART ; GENFIT (FR)) 15 August 2002 (2002-08-15) the whole document	
A	SCHOONJANS KRISTINA ET AL: "Liver receptor homolog 1 controls the expression of the scavenger receptor class B type I." EMBO REPORTS. DEC 2002, vol. 3, no. 12, December 2002 (2002-12), pages 1181-1187, XP002292836 ISSN: 1469-221X page 1182, column 2 - page 1183, column 2; figures 2,3	

☒ Further documents are listed in the continuation of box C.

☒ Patent family members are listed in annex.

\* Special categories of cited documents:

- \*A\* document defining the general state of the art which is not considered to be of particular relevance
- \*E\* earlier document but published on or after the international filing date
- \*L\* document which may throw doubts on priority claim(s) or which is cited to establish the publication date of another citation or other special reason (as specified)
- \*O\* document referring to an oral disclosure, use, exhibition or other means
- \*P\* document published prior to the international filing date but later than the priority date claimed

- \*T\* later document published after the international filing date or priority date and not in conflict with the application but cited to understand the principle or theory underlying the invention
- \*X\* document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered novel or cannot be considered to involve an inventive step when the document is taken alone
- \*Y\* document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered to involve an inventive step when the document is combined with one or more other such documents, such combination being obvious to a person skilled in the art.
- \*&\* document member of the same patent family

Date of the actual completion of the international search

10 May 2005

Date of mailing of the international search report

31/05/2005

Name and mailing address of the ISA

European Patent Office, P.B. 5818 Patentlaan 2  
NL - 2280 HV Rijswijk  
Tel. (+31-70) 340-2040, Tx. 31 651 epo nl,  
Fax: (+31-70) 340-3016

Authorized officer

Pinta, V



## INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International Application No  
PCT/FR2004/003373

## C.(Continuation) DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category °	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
A	<p>SASTRY K N ET AL: "Different cis-acting DNA elements control expression of the human apolipoprotein AI gene in different cell types." MOLECULAR AND CELLULAR BIOLOGY. FEB 1988, vol. 8, no. 2, February 1988 (1988-02), pages 605-614, XP008034106 ISSN: 0270-7306 the whole document page 606 - page 607; figures 1,2,4</p>	
A	<p>DATABASE EMBL EBI; 4 March 2000 (2000-03-04), SASTRY ET AL: "Human apolipoprotein AI (ApoAI) 5' nontranslating region" XP002292839 Database accession no. M20656 abstract</p>	
A	<p>US 5 994 061 A (TAM SHUI-PANG ET AL) 30 November 1999 (1999-11-30) the whole document column 5; figure 2a</p>	
A	<p>VU-DAC N ET AL: "Negative regulation of the human apolipoprotein A-I promoter by fibrates can be attenuated by the interaction of the peroxisome proliferator-activated receptor with its response element" JOURNAL OF BIOLOGICAL CHEMISTRY, vol. 269, no. 49, 1994, pages 31012-31018, XP002139315 ISSN: 0021-9258 page 31013, column 1; figure 1 * ABC-P-CAT, BC-P-CAT *</p>	
A	<p>US 5 721 096 A (KARATHANASIS SOTIRIOS K ET AL) 24 February 1998 (1998-02-24) the whole document Site C; claim 13; figures 1-4; example 1</p>	
A	<p>EP 0 516 443 A (LILLY CO ELI) 2 December 1992 (1992-12-02) the whole document</p>	

-/--

## INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International Application No  
PCT/FR2004/003373

## C.(Continuation) DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category °	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
A	LUO Y ET AL: "The orphan nuclear receptor LRH-1 potentiates the sterol-mediated induction of the human CETP gene by liver X receptor." THE JOURNAL OF BIOLOGICAL CHEMISTRY. 6 JUL 2001, vol. 276, no. 27, 6 July 2001 (2001-07-06), pages 24767-24773, XP002292837 ISSN: 0021-9258 the whole document -----	
A	SUGAWARA T ET AL: "Steroidogenic factor 1-dependent promoter activity of the human steroidogenic acute regulatory protein (StAR) gene." BIOCHEMISTRY. 16 JUL 1996, vol. 35, no. 28, 16 July 1996 (1996-07-16), pages 9052-9059, XP002292835 ISSN: 0006-2960 page 9053, column 1 page 9054, column 1; figure 1 -----	
P,A	FAYARD ELISABETH ET AL: "LRH-1: an orphan nuclear receptor involved in development, metabolism and steroidogenesis." TRENDS IN CELL BIOLOGY. MAY 2004, vol. 14, no. 5, May 2004 (2004-05), pages 250-260, XP002292838 ISSN: 0962-8924 page 255, column 2 - page 256, column 1; figure 4 -----	

# INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International application No.

**PCT/FR2004/003373**

## Box I Observations where certain claims were found unsearchable (Continuation of item 1 of first sheet)

This international search report has not been established in respect of certain claims under Article 17(2)(a) for the following reasons:

1. ☐ Claims Nos.:  
because they relate to subject matter not required to be searched by this Authority, namely:
  
2. ☒ Claims Nos.: 19-28, 32  
because they relate to parts of the international application that do not comply with the prescribed requirements to such an extent that no meaningful international search can be carried out, specifically:  

**see supplemental sheet PCT/ISA/210**
  
3. ☐ Claims Nos.:  
because they are dependent claims and are not drafted in accordance with the second and third sentences of Rule 6.4(a).

## Box II Observations where unity of invention is lacking (Continuation of item 2 of first sheet)

This International Searching Authority found multiple inventions in this international application, as follows:

1. ☐ As all required additional search fees were timely paid by the applicant, this international search report covers all searchable claims.
2. ☐ As all searchable claims could be searched without effort justifying an additional fee, this Authority did not invite payment of any additional fee.
3. ☐ As only some of the required additional search fees were timely paid by the applicant, this international search report covers only those claims for which fees were paid, specifically claims Nos.:
  
4. ☐ No required additional search fees were timely paid by the applicant. Consequently, this international search report is restricted to the invention first mentioned in the claims; it is covered by claims Nos.:

### Remark on Protest

- ☐ The additional search fees were accompanied by the applicant's protest.  
☐ No protest accompanied the payment of additional search fees.

# INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International application No.

**PCT/FR2004/003373**

## Continuation of Box II

### Claims 19-28 and 32

Claims 19 to 28 and 32 relate to uses of compounds (claims 19 to 28) and to a pharmaceutical composition (claim 32), in which the compounds used or included in the composition are defined by desirable properties or by a screening method by means of which the compounds can be identified. In the absence of any specific indication regarding the nature of the claimed compounds, the resulting lack of clarity (PCT Article 6) is such that it is not possible to carry out a meaningful search of the claimed subject matter. Consequently no search has been carried out in respect of the subject matter of claims 19 to 28 and 32.

The applicant's attention is drawn to the fact that claims relating to inventions in respect of which no international search report has been established need not be the subject of an international preliminary examination (PCT Rule 66.1(e)). The applicant is advised that it is not normally the policy of the EPO in its capacity as International Preliminary Examining Authority to carry out a preliminary examination for subject matter that has not been searched. This applies whether or not the claims were amended after receipt of the search report or in the course of the procedure under PCT Chapter II. The applicant is reminded that if the application proceeds to the regional phase before the EPO an additional search may be carried out in the course of the examination (cf. EPO Guidelines, Part C, VI, 8.5) on the condition that the deficiencies that led to the declaration under PCT Article 17(2) have been corrected.

# INTERNATIONAL SEARCH REPORT

Information on patent family members

International Application No

PCT/FR2004/003373

Patent document cited in search report		Publication date	Patent family member(s)	Publication date
WO 02063038	A	15-08-2002	FR 2820435 A1	09-08-2002
			CA 2437434 A1	15-08-2002
			EP 1358354 A1	05-11-2003
			WO 02063038 A1	15-08-2002
			JP 2004537272 T	16-12-2004
			US 2004115666 A1	17-06-2004
<hr/>				
US 5994061	A	30-11-1999	NONE	
<hr/>				
US 5721096	A	24-02-1998	NONE	
<hr/>				
EP 0516443	A	02-12-1992	CA 2070058 A1	01-12-1992
			EP 0516443 A1	02-12-1992
			JP 5227968 A	07-09-1993
<hr/>				

# RAPPORT DE RECHERCHE INTERNATIONALE

Deposition internationale No

PCT/FR2004/003373

A. CLASSEMENT DE L'OBJET DE LA DEMANDE  
CIB 7 C12Q1/68 G01N33/53

Selon la classification internationale des brevets (CIB) ou à la fois selon la classification nationale et la CIB

## B. DOMAINES SUR LESQUELS LA RECHERCHE A PORTE

Documentation minimale consultée (système de classification suivi des symboles de classement)

CIB 7 C12Q

Documentation consultée autre que la documentation minimale dans la mesure où ces documents relèvent des domaines sur lesquels a porté la recherche

Base de données électronique consultée au cours de la recherche internationale (nom de la base de données, et si réalisable, termes de recherche utilisés)

EPO-Internal, BIOSIS, EMBASE, WPI Data, PAJ

## C. DOCUMENTS CONSIDERES COMME PERTINENTS

Catégorie °	Identification des documents cités, avec, le cas échéant, l'indication des passages pertinents	no. des revendications visées
A	WO 02/063038 A (STAELS BART ; GENFIT (FR)) 15 août 2002 (2002-08-15) le document en entier	
A	SCHOONJANS KRISTINA ET AL: "Liver receptor homolog 1 controls the expression of the scavenger receptor class B type I." EMBO REPORTS. DEC 2002, vol. 3, no. 12, décembre 2002 (2002-12), pages 1181-1187, XP002292836 ISSN: 1469-221X page 1182, colonne 2 - page 1183, colonne 2; figures 2,3 ----- -/--	

☒ Voir la suite du cadre C pour la fin de la liste des documents

☒ Les documents de familles de brevets sont indiqués en annexe

° Catégories spéciales de documents cités:

- \*A\* document définissant l'état général de la technique, non considéré comme particulièrement pertinent
- \*E\* document antérieur, mais publié à la date de dépôt international ou après cette date
- \*L\* document pouvant jeter un doute sur une revendication de priorité ou cité pour déterminer la date de publication d'une autre citation ou pour une raison spéciale (telle qu'indiquée)
- \*O\* document se référant à une divulgation orale, à un usage, à une exposition ou tous autres moyens
- \*P\* document publié avant la date de dépôt international, mais postérieurement à la date de priorité revendiquée

- \*T\* document ultérieur publié après la date de dépôt international ou la date de priorité et n'appartenant pas à l'état de la technique pertinent, mais cité pour comprendre le principe ou la théorie constituant la base de l'invention
- \*X\* document particulièrement pertinent; l'invention revendiquée ne peut être considérée comme nouvelle ou comme impliquant une activité inventive par rapport au document considéré isolément
- \*Y\* document particulièrement pertinent; l'invention revendiquée ne peut être considérée comme impliquant une activité inventive lorsque le document est associé à un ou plusieurs autres documents de même nature, cette combinaison étant évidente pour une personne du métier
- \*Z\* document qui fait partie de la même famille de brevets

Date à laquelle la recherche internationale a été effectivement achevée

10 mai 2005

Date d'expédition du présent rapport de recherche internationale

31/05/2005

Nom et adresse postale de l'administration chargée de la recherche internationale  
Office Européen des Brevets, P.B. 5818 Patentlaan 2  
NL - 2280 HV Rijswijk  
Tel. (+31-70) 340-2040, Tx. 31 651 epo nl,  
Fax: (+31-70) 340-3016

Fonctionnaire autorisé

Pinta, V

C.(suite) DOCUMENTS CONSIDERES COMME PERTINENTS		
Catégorie °	Identification des documents cités, avec, le cas échéant, l'indication des passages pertinents	no. des revendications visées
A	<p>SASTRY K N ET AL: "Different cis-acting DNA elements control expression of the human apolipoprotein AI gene in different cell types."</p> <p>MOLECULAR AND CELLULAR BIOLOGY. FEB 1988, vol. 8, no. 2, février 1988 (1988-02), pages 605-614, XP008034106</p> <p>ISSN: 0270-7306</p> <p>le document en entier</p> <p>page 606 - page 607; figures 1,2,4</p> <p>-----</p>	
A	<p>DATABASE EMBL</p> <p>EBI; 4 mars 2000 (2000-03-04),</p> <p>SASTRY ET AL: "Human apolipoprotein AI (ApoAI) 5' nontranslating region"</p> <p>XP002292839</p> <p>Database accession no. M20656</p> <p>abrégé</p> <p>-----</p>	
A	<p>US 5 994 061 A (TAM SHUI-PANG ET AL)</p> <p>30 novembre 1999 (1999-11-30)</p> <p>le document en entier</p> <p>colonne 5; figure 2a</p> <p>-----</p>	
A	<p>VU-DAC N ET AL: "Negative regulation of the human apolipoprotein A-I promoter by fibrates can be attenuated by the interaction of the peroxisome proliferator-activated receptor with its response element"</p> <p>JOURNAL OF BIOLOGICAL CHEMISTRY, vol. 269, no. 49, 1994, pages 31012-31018, XP002139315</p> <p>ISSN: 0021-9258</p> <p>page 31013, colonne 1; figure 1</p> <p>* ABC-P-CAT, BC-P-CAT *</p> <p>-----</p>	
A	<p>US 5 721 096 A (KARATHANASIS SOTIRIOS K ET AL) 24 février 1998 (1998-02-24)</p> <p>le document en entier</p> <p>Site C; revendication 13; figures 1-4; exemple 1</p> <p>-----</p>	
A	<p>EP 0 516 443 A (LILLY CO ELI)</p> <p>2 décembre 1992 (1992-12-02)</p> <p>le document en entier</p> <p>-----</p>	
	-/--	

C.(suite) DOCUMENTS CONSIDERES COMME PERTINENTS		
Catégorie	Identification des documents cités, avec, le cas échéant, l'indication des passages pertinents	no. des revendications visées
A	<p>LUO Y ET AL: "The orphan nuclear receptor LRH-1 potentiates the sterol-mediated induction of the human CETP gene by liver X receptor."            THE JOURNAL OF BIOLOGICAL CHEMISTRY. 6 JUL 2001,            vol. 276, no. 27,            6 juillet 2001 (2001-07-06), pages            24767-24773, XP002292837            ISSN: 0021-9258            le document en entier            -----</p>	
A	<p>SUGAWARA T ET AL: "Steroidogenic factor 1-dependent promoter activity of the human steroidogenic acute regulatory protein (StAR) gene."            BIOCHEMISTRY. 16 JUL 1996,            vol. 35, no. 28,            16 juillet 1996 (1996-07-16), pages            9052-9059, XP002292835            ISSN: 0006-2960            page 9053, colonne 1            page 9054, colonne 1; figure 1            -----</p>	
P,A	<p>FAYARD ELISABETH ET AL: "LRH-1: an orphan nuclear receptor involved in development, metabolism and steroidogenesis."            TRENDS IN CELL BIOLOGY. MAY 2004,            vol. 14, no. 5, mai 2004 (2004-05), pages            250-260, XP002292838            ISSN: 0962-8924            page 255, colonne 2 - page 256, colonne 1;            figure 4            -----</p>	



# RAPPORT DE RECHERCHE INTERNATIONALE

mande internationale n°  
PCT/FR2004/003373

## Cadre II Observations – lorsqu'il a été estimé que certaines revendications ne pouvaient pas faire l'objet d'une recherche (suite du point 2 de la première feuille)

Conformément à l'article 17.2)a), certaines revendications n'ont pas fait l'objet d'une recherche pour les motifs suivants:

1. ☐ Les revendications n<sup>os</sup> se rapportent à un objet à l'égard duquel l'administration n'est pas tenue de procéder à la recherche, à savoir:
2. ☒ Les revendications n<sup>os</sup> 19-28, 32 se rapportent à des parties de la demande internationale qui ne remplissent pas suffisamment les conditions prescrites pour qu'une recherche significative puisse être effectuée, en particulier:  
voir FEUILLE ANNEXÉE PCT/ISA/210
3. ☐ Les revendications n<sup>os</sup> sont des revendications dépendantes et ne sont pas rédigées conformément aux dispositions de la deuxième et de la troisième phrases de la règle 6.4.a).

## Cadre III Observations – lorsqu'il y a absence d'unité de l'invention (suite du point 3 de la première feuille)

L'administration chargée de la recherche internationale a trouvé plusieurs inventions dans la demande internationale, à savoir:

1. ☐ Comme toutes les taxes additionnelles ont été payées dans les délais par le déposant, le présent rapport de recherche internationale porte sur toutes les revendications pouvant faire l'objet d'une recherche.
2. ☐ Comme toutes les recherches portant sur les revendications qui s'y prêtaient ont pu être effectuées sans effort particulier justifiant une taxe additionnelle, l'administration n'a sollicité le paiement d'aucune taxe de cette nature.
3. ☐ Comme une partie seulement des taxes additionnelles demandées a été payée dans les délais par le déposant, le présent rapport de recherche internationale ne porte que sur les revendications pour lesquelles les taxes ont été payées, à savoir les revendications n<sup>os</sup>
4. ☐ Aucune taxe additionnelle demandée n'a été payée dans les délais par le déposant. En conséquence, le présent rapport de recherche internationale ne porte que sur l'invention mentionnée en premier lieu dans les revendications; elle est couverte par les revendications n<sup>os</sup>

Remarque quant à la réserve

- ☐ Les taxes additionnelles étaient accompagnées d'une réserve de la part du déposant.
- ☐ Le paiement des taxes additionnelles n'était assorti d'aucune réserve.

## SUITE DES RENSEIGNEMENTS INDIQUES SUR PCT/ISA/ 210

Suite du cadre II.2

Revendications nos.: 19-28, 32

Les revendications 19-28 et 32 présentes ont trait des utilisations de composés (rev. 19-28) ou à une composition pharmaceutique (rev. 32) où les composés utilisés ou compris dans la composition sont définis par des propriétés souhaitables desdits composés ou bien par une méthode de criblage permettant d'identifier lesdits composés. En l'absence de toute indication spécifique quant à la nature desdits composés dans la présente demande, le manque de clarté au sens de l'Article 6 PCT qui s'en suit est d'une importance telle qu'une recherche significative de l'objet des revendications devient impossible. Par conséquent, il n'a pas été effectué de recherche quant à l'objet des revendications 19-28 et 32.

L'attention du déposant est attirée sur le fait que les revendications ayant trait aux inventions pour lesquelles aucun rapport de recherche n'a été établi ne peuvent faire obligatoirement l'objet d'un rapport préliminaire d'examen (Règle 66.1(e) PCT). Le déposant est averti que la ligne de conduite adoptée par l'OEB agissant en qualité d'administration chargée de l'examen préliminaire international est, normalement, de ne pas procéder à un examen préliminaire sur un sujet n'ayant pas fait l'objet d'une recherche. Cette attitude restera inchangée, indépendamment du fait que les revendications aient ou n'aient pas été modifiées, soit après la réception du rapport de recherche, soit pendant une quelconque procédure sous le Chapitre II. Si la demande devait être poursuivie dans la phase régionale devant l'OEB, il est rappelé au déposant qu'une recherche pourrait être effectuée durant la procédure d'examen devant l'OEB (voir Directive OEB C-VI, 8.5) à condition que les problèmes ayant conduit à la déclaration conformément à l'Article 17(2) PCT aient été résolus.

# RAPPORT DE RECHERCHE INTERNATIONALE

Renseignements relatifs aux membres de familles de brevets

De la demande internationale No

PCT/FR2004/003373

Document brevet cité au rapport de recherche		Date de publication	Membre(s) de la famille de brevet(s)	Date de publication
WO 02063038	A	15-08-2002	FR 2820435 A1	09-08-2002
			CA 2437434 A1	15-08-2002
			EP 1358354 A1	05-11-2003
			WO 02063038 A1	15-08-2002
			JP 2004537272 T	16-12-2004
			US 2004115666 A1	17-06-2004
US 5994061	A	30-11-1999	AUCUN	
US 5721096	A	24-02-1998	AUCUN	
EP 0516443	A	02-12-1992	CA 2070058 A1	01-12-1992
			EP 0516443 A1	02-12-1992
			JP 5227968 A	07-09-1993